

Maria-Katharina Eleonore Sieglinde Kölbl

---

Genetische Untersuchungen an Abwurfstangen  
und Schädeln aus der Rehsammlung des  
Herzogs Albrecht von Bayern in Berchtesgaden



Inaugural-Dissertation zur Erlangung des Grades eines  
**Dr. med. vet.**  
beim Fachbereich Veterinärmedizin der Justus-Liebig-Universität Gießen



*edition scientifique*  
**VVB LAUFERSWEILER VERLAG**

**Das Werk ist in allen seinen Teilen urheberrechtlich geschützt.**

**Die rechtliche Verantwortung für den gesamten Inhalt dieses Buches liegt ausschließlich bei dem Autor dieses Werkes.**

Jede Verwertung ist ohne schriftliche Zustimmung des Autors oder des Verlages unzulässig. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeicherung in und Verarbeitung durch elektronische Systeme.

1. Auflage 2018

All rights reserved. No part of this publication may be reproduced, stored in a retrieval system, or transmitted, in any form or by any means, electronic, mechanical, photocopying, recording, or otherwise, without the prior written permission of the Author or the Publishers.

1<sup>st</sup> Edition 2018

© 2018 by VVB LAUFERSWEILER VERLAG, Giessen  
Printed in Germany



*édition linguistique*  
**VVB LAUFERSWEILER VERLAG**

STAUFENBERGRING 15, D-35396 GIESSEN  
Tel: 0641-5599888 Fax: 0641-5599890  
email: [redaktion@doktorverlag.de](mailto:redaktion@doktorverlag.de)

**[www.doktorverlag.de](http://www.doktorverlag.de)**

Aus dem Arbeitskreis Wildbiologie e.V. und der  
Klinik für Wiederkäuer und Schweine  
(Innere Medizin und Chirurgie)  
der Justus-Liebig-Universität Gießen

Betreuer: Prof. Dr. Dr. habil. G. Reiner

# **Genetische Untersuchungen an Abwurfstangen und Schädeln aus der Rehsammlung des Herzogs Albrecht von Bayern in Berchtesgaden**

## **INAUGURAL-DISSERTATION**

zur Erlangung des Grades eines  
Dr. med. vet.  
beim Fachbereich Veterinärmedizin  
der Justus-Liebig-Universität Gießen

eingereicht von

**Maria-Katharina Eleonore Sieglinde Kölbl**

Tierärztin aus Ansbach

Gießen 2017

Mit Genehmigung des Fachbereichs Veterinärmedizin  
der Justus-Liebig-Universität Gießen

Dekan: Prof. Dr. Dr. h.c. M. Kramer

Gutachter/in:     1. Prof. Dr. Dr. habil. G. Reiner  
                             2. Prof. Dr. M. Lierz  
                             3. PD Dr. R. Hospes

Tag der Disputation: 26.02.2018



# Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis.....	V
Tabellenverzeichnis.....	VIII
Abkürzungsverzeichnis .....	IX
<b>1 Einleitung und Zielsetzung .....</b>	<b>1</b>
<b>2 Literaturübersicht .....</b>	<b>3</b>
2.1 Herzog Albrecht von Bayern und sein Werk.....	3
2.2 Rehsammlung Berchtesgaden.....	6
2.3 Das Reh ( <i>Capreolus capreolus</i> ).....	8
2.3.1 Systematische Einordnung des Rehes.....	8
2.3.2 Verbreitung und Merkmale.....	8
2.3.3 Ernährung.....	10
2.3.4 Energiebevorratung.....	10
2.3.5 Herbstmast .....	11
2.3.6 Fortpflanzung und embryonale Diapause .....	14
2.3.7 Sozial- und Territorialverhalten.....	16
2.4 Das Geweih.....	17
2.4.1 Geweih vs. Horn .....	17
2.4.2 Entwicklungsgeschichte.....	18
2.4.3 Geweihzyklus.....	18
2.4.4 Feinbau des Geweihs und innere Prozesse .....	19
2.4.5 Aufbau des Geweihs .....	23
2.4.6 Hormone beim Geweihwachstum und der Einfluss der Tageslichtlänge .....	26
2.4.7 Geweihformen.....	27
2.4.8 Von der Norm abweichende und pathologische Formen des Geweihs.....	39

2.4.8.1	Tulpengeweih .....	40
2.4.8.2	Schaufelgeweih .....	41
2.4.8.3	Verwachsungen, zusätzliche Enden, Krallen, falsche Rosenstöcke.....	41
2.4.8.4	Plattköpfigkeit, Perücke .....	43
2.4.8.5	Rickengehörn .....	45
2.4.8.6	Doppelkopf.....	45
2.4.8.7	Pergament-, Leder-, Pechgehörn.....	45
2.4.8.8	Widder-, Korkenziehergehörn.....	46
2.4.8.9	Faule/brandige Enden, Moorgeweih .....	48
2.4.8.10	Gummigehörn .....	48
2.4.8.11	Nebenrose, Nebenstange, Einstangenbock, Pendelstange .....	49
2.4.8.12	Vielendigkeit, Stummelgehörn, Knickbruch, Blasengehörn...	50
2.4.8.13	Frostgeweih, Hungergehörn.....	52
2.5	Populationsgenetik.....	53
2.5.1	Mikrosatelliten .....	53
2.5.2	Populationsgenetische Parameter.....	55
2.5.2.1	Allelfrequenz.....	55
2.5.2.2	Beobachtete und erwartete Heterozygotie .....	56
2.5.2.3	Fixationsindex .....	56
2.5.2.4	Hardy-Weinberg-Equilibrium (HWE) .....	58
2.6	Populationsgenetische Untersuchungen an Rehen .....	59
<b>3</b>	<b>Material und Methoden.....</b>	<b>64</b>
3.1	Material.....	64
3.1.1	Geräte .....	64
3.1.2	Chemikalien .....	64
3.1.3	Lösungen und Puffer.....	65
3.1.4	Kits.....	66
3.1.5	Probenmaterial .....	66
3.2	Methoden .....	72
3.2.1	Gewinnung des Probenmaterials.....	72

3.2.2	DNA-Extraktion aus Knochenspänen.....	73
3.2.2.1	Lysieren der Probe .....	73
3.2.2.2	Binden der DNA an die Zentrifugationssäule .....	73
3.2.2.3	Waschen der gebundenen DNA .....	73
3.2.2.4	Eluieren der DNA .....	74
3.2.3	Messen der DNA-Konzentration am Photometer .....	74
3.2.4	Überprüfung der DNA-Qualität .....	74
3.2.5	Genotypisierung.....	74
3.2.6	Polyacrylamidgelelektrophorese (PAGE).....	76
3.2.6.1	Herstellung eines Größenstandards für die PAGE .....	76
3.2.6.2	Herstellen eines Polyacrylamidgels (PAA-Gel).....	77
3.2.6.3	Durchführung der PAGE und Auswertung .....	78
3.3	Software zur Analyse populationsgenetischer Parameter.....	78
<b>4</b>	<b>Ergebnisse.....</b>	<b>79</b>
4.1	Genetische Überprüfung der Zuordnung der Stangen und Schädel zu einer Serie .....	79
4.2	Populationsgenetische Analyse .....	80
4.2.1	Populationsgenetische Kennzahlen.....	80
4.2.2	F-Statistiken .....	81
4.2.3	Principal Component Analysis (PCA) .....	82
4.2.4	Populationsgenetische Kennzahlen der Einzelpopulationen .....	83
4.3	Überprüfung der Hypothesen des Herzogs Albrecht von Bayern .....	85
4.3.1	Untersuchungsziel: phänotypisch ähnliche Stangen stammen von unterschiedlichen Böcken .....	86
4.3.2	Untersuchungsziel: Rosenform und Perlung variiert von Jahr zu Jahr .....	89
4.3.3	Untersuchungsziel: Form der Sprossen variiert von Jahr zu Jahr .....	92
4.3.4	Untersuchungsziel: Wechsel der Rosenform und Intensität der Perlung .....	96
4.3.5	Untersuchungsziel: Serie bis ins hohe Alter .....	99
4.3.6	Untersuchungsziel: Serie bis ins hohe Alter .....	101
4.3.7	Untersuchungsziel: Zuordnung der Stangen .....	103

4.3.8	Untersuchungsziel: Zuordnung der Stangen .....	104
4.3.9	Untersuchungsziel: phänotypisch ähnliche Stangen stammen von unterschiedlichen Böcken .....	106
4.3.10	Untersuchungsziel: phänotypisch ähnliche Stangen stammen von unterschiedlichen Böcken .....	108
4.3.11	Untersuchungsziel: Wechsel Rosenform .....	111
4.3.12	Untersuchungsziel: Wechsel der Stangenform .....	113
<b>5</b>	<b>Diskussion .....</b>	<b>116</b>
5.1	Diskussion der Methodik .....	116
5.1.1	DNA-Qualität .....	116
5.1.2	Etablierung der Genotypisierungs-PCR .....	117
5.2	Diskussion der Ergebnisse .....	118
5.2.1	Populationsgenetische Parameter .....	118
5.2.2	Überprüfung der Hypothesen des Herzogs Albrecht von Bayern .....	119
5.2.2.1	Phänotyp der Stangen ändert sich .....	119
5.2.2.2	Einflüsse auf die Geweihbildung .....	120
5.2.2.3	Pathologische Stangenbildung und Verletzungen .....	122
5.2.2.4	Fehlerhafte Zusammenstellung von Stangen und Schädeln und Abschluss der Hypothesen .....	124
<b>6</b>	<b>Zusammenfassung .....</b>	<b>126</b>
<b>7</b>	<b>Summary .....</b>	<b>129</b>
<b>8</b>	<b>Literaturverzeichnis .....</b>	<b>132</b>
	<b>Anhang .....</b>	<b>152</b>
	<b>Danksagung .....</b>	<b>155</b>
	<b>Erklärung .....</b>	<b>156</b>

## **Abbildungsverzeichnis**

Abbildung 1: Physiologische Abläufe im Energiestoffwechsel .....	12
Abbildung 2: Geweihzyklus des Rehs.....	18
Abbildung 3: Geweihfeinbau des Rehs .....	20
Abbildung 4: Aufbau einer Kolbenstange .....	21
Abbildung 5: Bestandteile des Geweihs.....	25
Abbildung 6: Geweihformen .....	29
Abbildung 7: Geweihentwicklung gekennzeichnete Böcke.....	31
Abbildung 8: Geweihentwicklung gezinkter Böcke.....	32
Abbildung 9: Rosenformen .....	34
Abbildung 10: Wechsel der Rosenformen.....	34
Abbildung 11: Wechsel der Rosenformen .....	34
Abbildung 12: Dachrosen.....	35
Abbildung 13: Gablergeweih mit fehlenden Rosen .....	35
Abbildung 14: Scheinrosen oberhalb der eigentlichen Rosen.....	36
Abbildung 15: Veränderungen des Petschaftes .....	36
Abbildung 16: Veränderungen des Petschaftes .....	37
Abbildung 17: Kräftige Perlung .....	38
Abbildung 18: Feine Perlung.....	38
Abbildung 19: Starkes Geweih ohne Perlung.....	39

Abbildung 20: Tulpengeweih .....	40
Abbildung 21: Schaufelgeweih .....	41
Abbildung 22: Verwachsene Stangen .....	42
Abbildung 23: Bischofsmütze .....	43
Abbildung 24: Helmperücke .....	44
Abbildung 25: Pergament- und Pechgehörn.....	46
Abbildung 26: Widdergehörn .....	47
Abbildung 27: Korkenziehergehörn .....	47
Abbildung 28: Gummigehörn.....	49
Abbildung 29: Einstangenbock und Rosenstockbruch.....	50
Abbildung 30: Vielstängigkeit und Knickbruch .....	51
Abbildung 31: Blasengehörn .....	52
Abbildung 32: Frost- und Hungergeweih.....	53
Abbildung 33: Übersichtskarte.....	72
Abbildung 34: Principal Component Analysis .....	83
Abbildung 35: Grafische Darstellung der populationsgenetische Kennzahlen .....	85
Abbildung 36: Stangen 100 und 101 aus Serie 1.....	87
Abbildung 39: Stangen 106, 107, 108 und 109 aus Serie 1.....	89
Abbildung 40: Serie 2.....	90
Abbildung 41: Serie 2 - Fortsetzung aus Abb. 40.....	91

Abbildung 42: Serie 3.....	93
Abbildung 43: Serie 3 - Fortsetzung aus Abb. 42.....	94
Abbildung 44: Serie 3 - Fortsetzung aus Abb. 43.....	95
Abbildung 45: Serie 4.....	97
Abbildung 46: Serie 4 – Fortsetzung aus Abb. 45 .....	98
Abbildung 47: Serie 5.....	99
Abbildung 48 (links): Serie 5 – Fortsetzung aus Abb. 47 .....	100
Abbildung 49 (rechts): Serie 5 – Fortsetzung aus Abb. 48.....	100
Abbildung 50: Serie 6.....	101
Abbildung 51 (links): Serie 6 - Fortsetzung aus Abb. 50 .....	102
Abbildung 52 (rechts): Serie 6 - Fortsetzung aus Abb. 51 .....	102
Abbildung 53: Serie 7.....	103
Abbildung 54: Serie 7 – Fortsetzung aus Abb. 53 .....	104
Abbildung 55: Serie 8.....	105
Abbildung 56: Serie 8 – Fortsetzung aus Abb. 55 .....	106
Abbildung 57: Serie 9.....	107
Abbildung 58: Serie 9 – Fortsetzung aus Abb. 57.....	108
Abbildung 59: Serie 10.....	109
Abbildung 60: Stangen der Serie 10 – Fortsetzung aus Abb. 59 .....	110
Abbildung 61: Serie 10 – Fortsetzung aus Abb. 60 .....	111

Abbildung 62: Serie 17.....	112
Abbildung 63: Serie 18.....	113
Abbildung 64: Serie 19.....	114
Abbildung 65: Serie 19 – Fortsetzung aus Abb. 64.....	115

## **Tabellenverzeichnis**

Tabelle 1: Rehkatalog der Abwurfstangen und Schädel.....	67
Tabelle 2: Primersequenzen der verwendeten Mikrosatelliten.....	75
Tabelle 3: Zusammensetzung des PCR-Ansatzes für die Mikrosatellitenanalyse.....	75
Tabelle 4: Programm zur Amplifikation der Mikrosatelliten .....	76
Tabelle 5: Primersequenzen.....	76
Tabelle 6: PCR-Ansatz zur Herstellung eines Größenstandards für die PAGE.....	77
Tabelle 7: Cycler-Programm zur Herstellung eines Größenstandards für die PAGE .....	77
Tabelle 8: Ergebnis der genetischen Überprüfung der Zuordnung der Abwurfstangen und Schädel zu einer Serie.....	80
Tabelle 9: Populationsgenetische Kennzahlen für die Gesamtpopulation.....	81
Tabelle 10: F-Statistiken für die Gesamtpopulation .....	82
Tabelle 11: Populationsgenetische Kennzahlen der Einzelpopulationen. ....	84



## Abkürzungsverzeichnis

$\mu\text{M}$  *Mikromolar*

A *Adenin*

APS *Ammoniumperoxodisulfat*

$A_r$  *Allelic richness*

bp *Basenpaare*

C *Cytosin*

DNA *Desoxyribonukleinsäure*

dNTPs *Desoxyribonukleosidtriphosphat*

EDTA *Ethylendiamintetraessigsäure*

G *Guanin*

ha *Hektar*

$H_e$  *Erwartete Heterozygotie (expected heterozygosity)*

$H_o$  *Beobachtete Heterozygotie (observed heterozygosity)*

HWE *Hardy-Weinberg-Equilibrium*

Hz *Hertz*

IGF<sub>1</sub> *Insulin-like growth factor 1*

kg *Kilogramm*

min *Minute*

ml *Milliliter*

mm *Millimeter*

mM *Millimolar;  $c = 0,001 \text{ mol/l}$*

MS *Mikrosatellit*

nm *Nanometer*

PAGE *Polyarcylamidgelelektrophorese*

PCA *Principal Coordinates Analysis*

PCR *Polymerasekettenreaktion*

PI *Probability of Identity*

RNA *Ribonukleinsäure*

rpm *revolutions per minute*

S.K.H. *Seine Königliche Hochheit*

STH *Somatotropes Hormon*

T *Thymin*

TEMED *Tetramethylethylendiamin*

Tris *Tris(hydroxymethyl)-aminomethan*

# 1 Einleitung und Zielsetzung

Das Reh (*Capreolus capreolus*) ist die kleinste europäische Hirschart und das am häufigsten vorkommende Schalenwild.

Die Lehrmeinung ist, dass Geweihmerkmale sich stets wiederholen und vererbbar sind. Somit könnten anhand von Ähnlichkeiten, Stangen einander zugeordnet werden und als verwandt angenommen werden. Hieraus ergäbe sich auch die Möglichkeit zur Selektion nach Geweihmerkmalen durch Abschussplanung.

Herzog Albrecht von Bayern stellte eine eindrucksvolle Sammlung an Abwurfstangen, Geweihen und Schädeln zusammen, die sich heute im Schloss Berchtesgaden befindet. Anhand dieser Objekte, die zu Serien von mehreren Abwurfstangen zusammengefasst wurden, formulierte er seine Hypothesen. Diese besagen, dass sich das Aussehen der Stangen und Rosen im Bezug auf Farbe, Form und Gestalt von Jahr zu Jahr verändern kann und nicht ausschließlich vom Erbgut, sondern primär von äußerlichen Einflüssen bestimmt wird. Außerdem stellte er fest, dass Rehböcke nicht allein nach Optik ihrer Geweihe identifiziert werden können.

Ziel dieser Arbeit war es,

1. einen ausgewählten Teil der Stangen bzw. Schädel zu genotypisieren,
2. den Genotyp mit dem Phänotyp der Stangen zu vergleichen, um folgende Hypothesen des Herzogs Albrecht von Bayern zu überprüfen:
  - a) phänotypisch ähnliche Stangen können von unterschiedlichen Böcken stammen,

b) phänotypische Merkmale der Abwurfstangen eines Bockes können sich von Jahr zu Jahr verändern. Zu den phänotypischen Merkmalen gehören:

- i) Form der Rosen
- ii) Intensität der Perlung
- iii) Form des Petschaftes
- iv) Form der Sprossen

## **2 Literaturübersicht**

### **2.1 Herzog Albrecht von Bayern und sein Werk**

Herzog Albrecht von Bayern wurde am 03.05.1905 als Sohn des Kronprinzen Rupprecht von Bayern und Enkel des letzten Königs von Bayern, Ludwig III. in München geboren. Er heiratete 1930 Maria Gräfin Drašković von Trakošćan (1904–1969). Aus dieser Ehe gingen zwei Töchter und zwei Söhne hervor. Nach dem Tod seiner ersten Frau ehelichte der Herzog 1971 Marie-Jenke Gräfin Keglevich von Buzin (1921–1983). Der ehemalige Erbprinz von Bayern erlebte fast das komplette 20. Jahrhundert und somit auch beide Weltkriege und 1944-1945 die Gefangennahme und die Haft in Konzentrationslagern. Herzog Albrecht studierte Forstwissenschaften, Botanik und Zoologie und war als Dr. med. vet. h. c. Ehrensensator der Ludwig-Maximilians-Universität München. Seit seiner Jugend war die Erhaltung der Landschaft, Tier- und Pflanzenwelt seine große Leidenschaft. (RALL, 1986). Zusammen mit seiner zweiten Frau, Jenke von Bayern, veröffentlichte er 1977 das Buch "Über Rehe in einem steirischen Gebirgsrevier". 1991 folgte mit „Weichselboden - Bilder und Abschluss der Rehbeobachtungen“ ein weiteres Buch des Herzogs (v. BAYERN, 1977). Herzog Albrecht verstarb am 08.07.1996 auf Schloss Berg am Starnberger See (Infografik Rehmuseum Berchtesgaden).

In Herzog Albrecht von Bayerns Buch „Über Rehe in einem steirischen Gebirgsrevier“ geht es um den Versuch, Kondition und Geweihmerkmale des Rehs zu verbessern. Der Herzog hat sich mit der landläufig verbreiteten These, welche besagt, dass das Reh genetisch degeneriert ist und eine Abschussplanung nach Geweihmerkmalen getroffen werden muss, auseinandergesetzt. Er war der Auffassung, dass sich die Erbmasse nicht in so einem kurzen Zeitraum und ohne gravierende äußerliche Einflüsse verändert, sondern stattdessen die Rehe eine umweltbedingte Kümmerform darstellen. So fehlt insbesondere die Herbstmast und somit bleibt das Reh bereits im Kitzalter in der Entwicklung zurück. Das Besondere an

der Herbstmast ist die Fähigkeit zahlreicher Säugetiere, vor allem der Wildwiederkäuer, einen Energievorrat anzulegen. Dies geschieht über Konzentratnahrung, wie Samen und Früchte, welche im Herbst kulminieren. Das Rehwild nimmt nach der Blattzeit von Anfang September bis Ende November die höchste Nahrungsmenge auf. Danach sinkt die Nahrungsqualität durch Erhöhung des Faseranteils, Verholzung und Reduktion des Eiweißanteils der Pflanzen. Konzentratsselektierer wie Rehe profitieren im Winter also besonders von ihren Energiereserven. Sie sind nicht fähig, minderwertige Nahrung und damit verbundene Energieverluste durch eine gesteigerte Nahrungsaufnahme auszugleichen (HOFMANN, 1973; 1978). Schwer verdauliches Futter bleibt länger im Verdauungstrakt (PERZANOWSKI, 1978), sodass der Magen zwar gefüllt ist, die Tiere aber dennoch hungern (EISFELD, 1976). Einen Nahrungsmangel können Rehe kaum verkraften (BOROWSKI et al., 1975; GILBERT et al., 1970; PERZANOWSKI, 1978).

Herzog Albrechts erste Überlegungen waren unter anderem, dass fast alle Reviere von einer veränderten Land- und Forstwirtschaft (Straßen, Felder, Besiedlung, Forstwald etc.) betroffen sind, die Rehe weniger nach jahreszeitlichem Bedarf äsen können, weniger Ruhe haben und häufiger wechseln müssen, wogegen die Tiere früher in den verschiedenen Jahreszeiten alles Notwendige auf kleinstem Raum gefunden haben. Nahrungsmangel entsteht vor allem durch reduzierten Laubholzanteil, verfrühte Abholzung, Beseitigung von Sträuchern, alten Obstbäumen und Feldgehölzen zur maschinellen Feldbestellung, abrupte Ernte der Felder und Zerstörung von Feuchtbiotopen durch Begradigung von fließenden Gewässern (HOFMANN et al., 1982). Weitere Bedenken des Herzogs waren, dass durch Haus- und Wildtierimporte Krankheiten und Parasiten eingeschleppt werden, was eine zusätzliche Belastung darstellt. Um diese Gedanken zu beweisen, versuchte er den Rehen im Steirischen Gebirgsrevier bessere Lebensbedingungen zu schaffen, insbesondere in Bezug auf die Ernährung. So wurde zum Beispiel eine Herbstmast geschaffen. Dadurch war das Reh im Winter in besserer körperli-

cher Verfassung und die Kitze hatten mehr Zeit zu wachsen. Um die Entwicklung einzelner Rehe zu verfolgen, wurden die Kitze markiert, die Abwurfstangen, Geweihe und Schädel gesammelt und die Rehe zur Identifikation regelmäßig beobachtet und fotografiert. Es wurde außerdem ein 70 ha großes Vergleichsgatter von der Familie Lotteraner zur Verfügung gestellt. Das Gelände wurde Jahre zuvor eingezäunt, um es hochwildfrei zu halten. Die Rehe wiederum konnten nicht abwandern. Dies führte zu einer hohen Wilddichte, was sich aber nicht negativ auf das Projekt auswirkte. Zwar herrschte dort eine raue Witterung, dafür hatten die Tiere aber ihre absolute Ruhe. Es wurden 12 Futterstellen errichtet, an denen ganzjährig gefüttert wurde. Das Futter wurde nach einem Rezept von VOGT (1938) zusammengestellt. Es bestand zu 50 % aus Mais, zu 30 % aus Sesamexpeller und zu 20 % aus Kokoskuchen. Waldgebiete, steile Felshänge, Alpen und damit hohe Schneelagen, Almwiesen und unberührte Gewässer sorgten für eine vielfältige Vegetation im Revier.

In seinem zweiten Werk, „Weichselboden – Bilder und Abschluss der Rehbeobachtungen“, schildert Herzog Albrecht von Bayern, dass die Leitung der Österreichischen Bundesforste eine weitere Pachtperiode des Reviers verweigerte. Somit mussten die Versuche abrupt beendet werden und es liegen nur Daten aus den Jahren 1977-1991 vor. Aufgrund der Kündigung des Reviers mussten viele markierte Rehe vorzeitig getötet werden. Dies verhinderte z.B. Ergebnisse bezüglich des Höchstalters, der Standorttreue und der Unterkieferlängen. Auch blieben zahlreiche Tiere durch Abwanderung, Abschuss, etc. verschollen. Der Herzog von Bayern betont zudem nochmals, dass die vergleichsweise geringe Körpergröße des „modernen“ Rehs nicht erblich, sondern durch Ernährung bedingt ist. Damit widerspricht er Fütterungsgegnern, die wegen zu hoher Wilddichten und dem damit verbundenen Mangel an Äsung für eine drastische Reduktion der Rehbestände plädieren.

## **2.2 Rehsammlung Berchtesgaden**

Die Rehsammlung in Berchtesgaden ist eine wildwissenschaftliche Sammlung, die S.K.H. Herzog von Bayern zusammengetragen und bearbeitet hat. Die meisten Stücke in der Sammlung stammen aus dem Revier Weichselboden. Von 1984-2005 befand sich die Sammlung aus 1290 Bock-, 590 Geißen- und Kitzschädel, sowie 3425 Abwurfstangen im Jagdschloss Grünau, welches vom Pfalzgraf Ottheinrich (1502-1559) östlich von Neuburg an der Donau erbaut wurde. Anlässlich des 100. Geburtstages des Herzogs wurden die wichtigsten Teile im Schloss Berchtesgaden öffentlich neu aufgestellt und somit auch zugänglich für wissenschaftliche Studien gemacht. Auch hängen Fotografien aus, welche von der Herzogin Jenke von Bayern angefertigt worden sind und vor allem Rehe aus dem Revier zeigen (Infografik Rehmuseum Berchtesgaden). Die Abwurfstangen und Schädel, welche teilweise selbst noch Geweihe trugen, wurden zu Serien zusammengefasst. Eine Serie besteht in der Regel aus dem Schädel eines Bockes und in chronologischer Reihenfolge dessen Abwurfstangen. Manche Serien wurden auch nach Optik zusammengestellt, eine Verwandtschaft der Stangen liegt dann nicht unbedingt vor. Kriterien bei der Zusammenstellung der Serien waren Aussehen der Stangen, Material, Perlung, Rosenform und Petschaft. Die gesammelten Abwurfstangen und Schädel wurden zu Vergleichszwecken, zur Identifikation, um das Alter der Böcke zu schätzen und um die Geweihentwicklung zu verfolgen, herangezogen. Da die Stangen in der Regel zufällig aufgefunden wurden, musste im Rahmen der Zuordnung eine Verwechslungsgefahr eingeräumt werden. Außerdem sind aus diesem Grund viele Serien unvollständig. Die Zuordnung der Stangen erfolgte nach Beobachtung der Tiere und den Fotos, welche die Herzogin geschossen hat.

Bei der Sammlung fiel dem Herzog auf, dass die Geweihbildung in ihrer Ausprägung höchst variabel ist. Daraus bildete er seine Hypothesen, nach denen die Geweihe eines selben Bocks sich von Jahr zu Jahr in der Form des Geweihs, der Rose und des Petschafts, außerdem der Stellung, Perlung, Farbe und Stärke ändern



können. Er widersprach der Auffassung, dass Geweihe allein nach ihrer Optik identifiziert werden können (v. BAYERN, 1977).

Die Rehsammlung zeigt also Ergebnisse aus den Fütterungsversuchen an Rehen, die Herzog Albrecht von Bayern durchführte, um einerseits nachzuweisen, dass unzureichende Lebensbedingungen das kümmerliche Wachstum bei Rehen verursachen und andererseits um seine Thesen über Geweihentwicklung und –morphologie zu belegen.

## **2.3 Das Reh (*Capreolus capreolus*)**

### **2.3.1 Systematische Einordnung des Rehes (nach RAESFELD, 2003)**

- Stamm: Vertebrata (Wirbeltiere)
- Klasse: Mammalia (Säugetiere)
- Ordnung: Artiodactyla (Paarhufer)
- Unterordnung: Ruminantia (Wiederkäuer)
- Teilordnung: Pecora (Stirnwaffenträger)
- Überfamilie: Cervoidea (Geweihträger, Hirschartige)
- Familie: Cervidae (Hirsche)
- Unterfamilie: Odocoilinae (Trughirsche)
- Gattung: *Capreolus* (Reh)
- Art: *Capreolus capreolus*, Linné 1758 (Europäisches Reh)

### **2.3.2 Verbreitung und Merkmale**

Das Reh ist die häufigste Schalenwildart Europas und hat in der Jagd eine besondere wirtschaftliche Bedeutung (KURT, 1970). Sie ist autochthon und gilt als kleinster Wildwiederkäuer der nördlichen gemäßigten Zone. Die Ausdifferenzierung fand vor 20-25 Millionen Jahren statt (HOFMANN, 1988). Basierend auf morphologischen und genetischen Merkmalen, stehen Rehe den Elchen (*Alcini*) und amerikanischen Hirschen (*Odocoileini*) näher als den Cerviden (BACCUS et al.; 1983; FLEROV, 1952; GROVES et al.; 1987).

Nach MARKOV et al. (1985) kann eine große östliche und eine kleinere westliche Subspezies unterschieden werden. Die Durchschnittswerte für die größte Schädelgröße beim östlichen Reh beträgt 207-213 mm (♂) bzw. 201-211 mm (♀) und beim westlichen Reh 194-207 mm (♂) bzw. 190-199 mm (♀).

Das Maximalgewicht beträgt bei Ricken 22-28 kg und wird im dritten Lebensjahr erreicht. Böcke sind mit 23-32 kg erst im vierten Lebensjahr voll ausgewachsen (BUBENIK, 1960).

Als Paarhufer (Artiodactyla) und Zehenspitzenhänger sind die dritte und vierte Zehe miteinander verschmolzen. Dieses sogenannte „Kanonenbein“ trägt die Hauptlast. Die zweite und fünfte Zehe sind nur in reduzierter Form als Afterklauen vorhanden. Daumen und großer Zeh fehlen vollständig (KURT, 1970).

Rehe sind an hohes, dichtes Gras und niedriges Gestrüpp angepasst (SEMPÉRÉ et al., 1996). Deshalb sind sie hinten überbaut und gelten als Schlüpfer (HOFMANN, 2012). Die Böcke sind etwas größer als Ricken, aber generell ist der sexuelle Dimorphismus als niedrig zu erachten (LISTER et al., 1998).

Wie alle Hirscharten, mit Ausnahme der Gattung Moschustier, besitzen Rehe keine Gallenblase (RAESFELD, 2003; KURT, 1970).

Die Zahnformel lautet: 
$$\begin{array}{cccc} 0 & I & 0 & C & 3 & P & 3 & M \\ 3 & I & 1 & C & 3 & P & 3 & M \end{array} = 32 \text{ Zähne (RAESFELD, 2003).}$$

Das olfaktorische Organ ist das wichtigste Sinnesorgan des Rehs. Die olfaktorische Oberfläche des Geruchsorgans beträgt etwa 90 cm<sup>2</sup> und enthält ca. 300 Millionen Riechzellen. Im Vergleich dazu hat der Mensch eine olfaktorische Oberfläche von ca. 2,5 cm<sup>2</sup> und lediglich 30 Millionen Riechzellen (KOLB, 1979).

Die Lebensspanne eines Rehes in einer natürlichen Population kann bis zu 10 Jahre betragen (ANDERSEN, 1953; PIELOWSKI et al., 1982; PIKULA et al., 1985). Teilweise wurden aber auch schon 15-17 Jahre alte Tiere beobachtet (STRANDGAARD, 1972; STUBBE et al., 1979).

Raubtiere spielen beim westeuropäischen Reh eine untergeordnete Rolle. Vielmehr sind Parasitenbefall durch zu hohe Populationsdichte und anthropogene Einflüsse die wichtigsten Selektionsursachen (TURNER et al., 1987; STUBBE et al., 1979).

### **2.3.3 Ernährung**

Als Konzentratspektierer sind Rehe nicht in der Lage, Zellulose effektiv aufzuschließen. Deshalb werden faserreiche Pflanzen gemieden und bevorzugt nährstoffreiche Pflanzen mit hohem Rohproteingehalt (>12%) aufgenommen (HOFMANN, 1993). Untersuchungen des Panseninhalts ergaben, dass dieser im Schnitt zu 62% aus Baum-/Strauchnahrung, zu 10% aus Gras, zu 16% aus Kräutern und zu 12% aus niederen Pflanzen, wie beispielsweise Flechten besteht. Die Baum- und Strauchnahrung fördert aufgrund ihrer groben, faserigen Struktur die Verdauung (MELCHIAR, 1960). Die Wassermenge in der Nahrung deckt in der Regel auch den täglichen Flüssigkeitsbedarf (KURT, 1970). Die Äsung wird vor allem tagsüber in 8-11 Perioden aufgenommen, anschließend folgen Ruhepausen, in denen wiedergekaut wird. Die Gesamtäsungszeit pro Tag beträgt 7-12 Stunden, während im Schnitt 6-7 Stunden wiedergekaut wird (BUBENIK, 1960). Ein ausgewachsenes Reh nimmt im Schnitt 1,5-2 kg Nahrung pro Tag auf (MOTTTL, 1957). Vor und während der Brunftzeit nehmen Böcke unregelmäßiger Futter auf, dadurch kommt es zu Gewichtsverlusten (KURT, 1970).

### **2.3.4 Energiebevorratung**

Im Herbst ist eine Energiebevorratung essentiell, ein Mangel könnte Verbissschäden oder gar den Hungertod nach sich ziehen (HOFMANN, 1993). Fettdepots können 15-20 % der Körpermasse ausmachen (HOFMANN, 1988). STUBBE (1966) und BUBENIK (1971) konnten feststellen, dass das Höchstgewicht im November/Dezember erreicht wird. Nach der Feistbildung werden im Winter Futtermittelaufnahme und Stoffwechsel reduziert. Um noch mehr Energie zu sparen, wer-

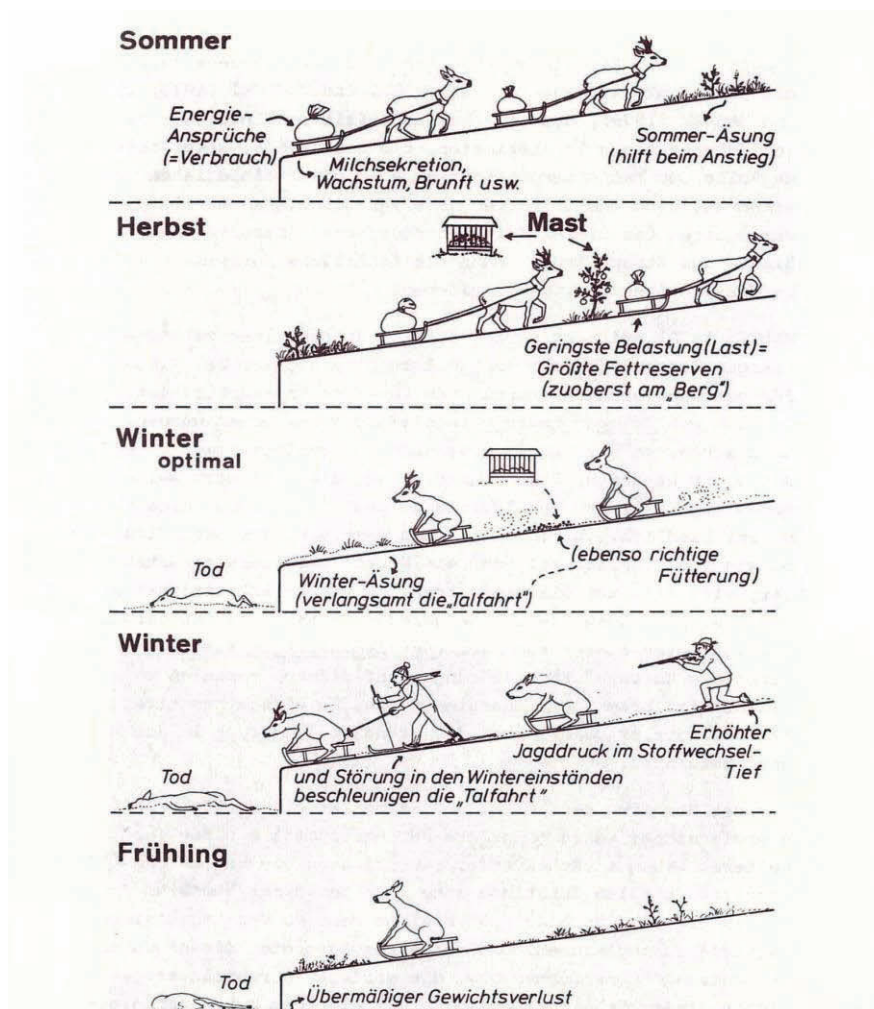
den sämtliche Aktivitäten auf ein Mindestmaß beschränkt. Deshalb ist es essentiell, dass Rehe nicht durch menschliche Aktivitäten gestört werden. Eine Erhaltungssäugung ist dennoch notwendig, um die Protozoen und Bakterien im Pansen zu erhalten.

BARTH (1980), sowie BIRRAS (1981) stellten anhand der Schilddrüse jahreszyklische Stoffwechseleränderungen fest. So wird das Depotfett mittels Hormonsteuerung auf- und abgebaut (MEIER et al., 1976). Das Fettgewebe ist nicht nur ein Energiespeicher, sondern liefert auch Wärme und Wasser und dient der Thermoisolation (YOUNG, 1976).

Wichtig ist hierbei, dass die Fähigkeit, Energiereserven anzulegen, bereits in der Wachstumsphase stattfindet – fehlt eine ausreichende Ernährung, haben diese Tiere auch in Zukunft Schwierigkeiten, ausreichend Depot anzulegen, das heißt, sie kümmern. Der Herzog von Bayern (1975) führt den Rückgang der Durchschnittsgewichte der mitteleuropäischen Rehe auf diesen Umstand zurück. Das bedeutet, das Absinken der Wilddichte allein kann die Kondition der Rehe nicht wesentlich verbessern (MAGGIO, 1979).

### **2.3.5 Herbstmast**

Von 1979-1982 wurde vom Arbeitskreis Wildbiologie und Jagdwissenschaft der Justus-Liebig-Universität in Gießen in Absprache mit dem Landesjagdverband Hessen und im Auftrag der obersten Jagdbehörde, bzw. des hessischen Ministeriums für Landwirtschaft, Umwelt, Landesentwicklung und Forsten ein Forschungsprojekt über Wildfütterung und Herbstmastsimulation durchgeführt.



**Abbildung 1:** Verbildlichung der physiologischen Abläufe im Energiestoffwechsel über die Jahreszeiten (Hofmann et al., 1982) Die Last auf dem Schlitten stellt den Energieverbrauch dar, durch gute Äsung im Sommer und Herbst, können die Tiere Fettreserven anlegen, bis sie durch die Feist ganz oben am Berg sind. Im Winter geht es wieder bergab, die Energiereserven werden aufgebraucht. Eine Winter-Äsung verlängert die Talfahrt. Bei Störungen und durch die Jagd werden die Reserven jedoch schneller aufgebraucht, sodass sogar ein Hungertod möglich wird.

Hierbei wurde eine Kombination aus möglichst vielen Wildäsungsflächen und so vielen Fütterungen wie nötig angestrebt. Die Fütterungen wurden von HOFMANN (1979) in drei Phasen aus Kraft- und Erhaltungsfuttermitteln konzipiert. Es wurden verschiedene Futtermischungen, unter anderem aus Getreide, Soja und Luzerne getestet. Um ein valides Ergebnis zu erzielen, war jedoch die Konstanz der Fütterungen am wichtigsten. Außerdem waren ein hoher Energiegehalt und Verdaulichkeit durch geringen Rohfaser- und hohen Rohproteingehalt unabdingbar für eine geeignete Rehütterung.

In den Untersuchungsrevieren konnte eine Zunahme der Durchschnittsgewichte verzeichnet werden, vor allem Kitze profitierten von zusätzlichen Wildäckern. Auch die Geweihbildung verbesserte sich im Hinblick auf Durchmesser, Gewicht, Kranzbildung, Perlung und Vereckung. Den zunehmenden Wildbretgewichten, der Reduktion des Fallwilds und verringertem Verbiss standen jedoch die hohen Kosten der Herbstmastsimulation gegenüber.

VOLMER und HERZOG untersuchten von 1986-1994 in einem Forschungsgebiet im Hochknüll die Entwicklung des dort lebenden Rehwilds. Dabei wurde ein besonderes Augenmerk auf geeignete Fütterung und Parasitenprophylaxe gelegt. In den Untersuchungen ergab sich, dass die Zahl schwacher Tiere bei hoher Wildichte zunimmt. Dies bestätigen auch Studien von PIELOWSKI (1993b), STUBBE (1966) und KLEIN et al. (1972). Als Ursache dafür wurden sozialer Stress und Parasiten vermutet (VOLMER et al., 1995; DUDZINSKI, 1993). So wirkt sich beispielsweise die Rehrachenbremse nachteilig auf die Körperkondition aus (MOTTL, 1962; STUBBE, 1966; DUDZINSKI, 1970).

Auch in Polen gab es Forschungen zur Verbesserung der Körperkondition durch intensive Hegemaßnahmen. Regelmäßige Kraftfuttermitteln, wie bei anderen Versuchen geschehen (VOGT, 1938; v. BAYERN, 1975; MAGGIO, 1979), sind jedoch nicht überall praktikabel. Stattdessen sollte die Bestandsdichte den entsprechenden Umweltbedingungen angepasst werden (PIELOWSKI, 1993a).

### 2.3.6 Fortpflanzung und embryonale Diapause

Das weibliche Reh hat einen besonderen Reproduktionszyklus. Durch eine verzögerte embryonale Implantation (delayed implantation), auch Diapause genannt, wird die Brunft in die Vegetationsperiode Anfang Juli bis Ende August vorverlegt und die Trächtigkeitsdauer auf 9,5 Monate verlängert. Die typische Tragedauer für Tiere in dieser Gewichtsklasse und Körpergröße beträgt ansonsten fünf bis sechs Monate. Damit hat sich das Reh als einziger Paarhufer (*Artiodactyla*) und kleinste Hirschart besonders an den winterlichen Nahrungsmangel angepasst (BISCHOFF, 1854; SHORT et al., 1966; KURT, 1970; HOFMANN, 1988; MARTIN et al., 1988; HERMES, 1997; SEMPÉRÉ et al., 1998).

Die Ovulation findet erstmals nach 12-14 Monaten ein Mal jährlich (monöstrisch) in der Brunftzeit von Juli bis August statt. Der Östrus dauert 36 Stunden. So setzt das Reh erstmals mit 22-26 Monaten (STIEVE, 1950; SHORT et al., 1966; BRAMLEY, 1970; KURT, 1970; STRANDGAARD, 1972; AITKEN, 1974; KÖNIG, 1993). Die Fortpflanzungsfähigkeit besteht bis ins hohe Alter. Nach der Befruchtung folgt eine Entwicklung der Eizelle bis zur Blastula. Dann stagniert das Wachstum und findet auch im Anschluss nur sehr langsam statt. Die Fruchtlage wird über längeren Zeitraum bei normaler Körpertemperatur „konserviert“ (HOFMANN, 1978; SEMPÉRÉ et al., 1989; FLINT et al., 1994). Erst Anfang bis Ende Dezember nistet der Embryo sich in der Gebärmutterschleimhaut ein und entwickelt sich normal weiter (ZIEGLER, 1843; BISCHOFF, 1854; MEAD, 1993). Die Geburt findet nach 264-318 Tagen Trächtigkeit zwischen April und Juli statt, wenn die Aufzuchtbedingungen optimal sind. Meist werden ein bis drei 1-1,7 kg schwere Junge gesetzt, selten auch vier (AITKEN, 1979; HERMES, 1997; ELLENBERG, 1978; KURT, 1970; PRIOR, 1968; RIECK, 1955; SAGESSER, 1968; SAGESSER et al., 1966; WANDELER, 1975). Die Satzgröße wird sowohl durch das Alter der Mutter, als auch durch die Lebensbedingungen maßgeblich



beeinflusst (KURT, 1970). Die Kitze nehmen bereits in der zweiten Lebenswoche feste Nahrung auf und werden nur zwei bis drei Monate gesäugt (HOFMANN, 2007). Bereits nach zwei Wochen haben die Kitze ihr Geburtsgewicht verdoppelt und bis zum Herbst 60-70 % der adulten Körpermasse erreicht (GROMOV, 1988; STUBBE, 1990). Wenige Monate nach der Geburt beginnen die Jungtiere LH und FSH zu bilden, gefolgt von einem Testosteronanstieg und dem Beginn der Spermatogenese ab dem 7. Lebensmonat (SEMPÉRÉ et al., 1983a). Obwohl Böcke die sexuelle Reife bereits nach Ende ihres ersten Lebensjahres erreichen, pflanzen sie sich erst ab dem dritten Lebensjahr fort (BORG, 1970; ELLENBERG, 1978; SEMPÉRÉ, 1982; WANDELER, 1975).

Es kommt vor, dass Ende November/Anfang Dezember eine „Nebenbrunft“ stattfindet, in der nicht trächtige Rehe nochmals brunftig und somit beschlagen werden können. Dabei entfällt die Diapause (STUBBE, 2008). Auch STIEVE (1950) berichtet von Beobachtungen über einen Zeitraum von 40 Jahren, dass neben der Hauptbrunft mit einer verlängerten Tragzeit auch eine Nebenbrunft im November/Dezember existiert. Denn ungefähr 3 % der Ricken werden nicht oder nur erfolglos beschlagen, was zu einer zweiten Brunft bei Winteranfang führt. Die Geburten finden dann ebenfalls im Mai/Juni statt, das heißt, die Tragzeit verkürzt sich auf fünf bis sechs Monate ohne Diapause. Dagegen halten TACHEZY (1956) und SHORT und MANN (1966), dass nach der Brunft die Spermatogenese eingestellt wird und die Böcke deshalb nur bis Oktober fruchtbar sind.

Die Masse und das Volumen der Hoden variieren über die Jahreszeiten. Im Winter sind die Hoden fünf bis zehnmal kleiner als in der Brunftzeit (BRAMLEY, 1970; SEMPÉRÉ et al., 1982; SHORT et al., 1966; STIEVE, 1950). Im Januar findet ein Anstieg gonadotropher Hormone statt, gefolgt von einem Anstieg des Testosterons (SEMPÉRÉ et al., 1982; SEMPÉRÉ et al., 1992a; 1992b). Ab März werden Spermatozoen gebildet. Die Brunftzeit beginnt nach dem Hochsommer wenn die

männlichen Tiere ihre Geweihe gefegt haben. Die Brunft wird durch Testosteron und die Fotoperiode gesteuert (SEMPÉRE et al., 1998).

Im Gegensatz dazu sind die meisten weiblichen Cerviden der nördlichen gemäßigten Zone saisonal polyöstrisch und gebären im Frühling, sodass die Paarungszeit im Herbst stattfindet. Die Ovulation wird von der Tageslänge bestimmt und durch die verkürzte Tageslichtperiode im Herbst induziert (ASHER et al., 1986).

### **2.3.7 Sozial- und Territorialverhalten**

Rehe leben im Wechsel der Jahreszeit solitär oder im Familienverband (PUTMAN, 1988). Typisch ist ihre große Standorttreue (STUBBE, 1990). KURT (1970) unterscheidet zwischen Feld- und Waldrehen. Feldrehe bevorzugen offene Flächen und bilden deshalb gerade im Winter größere Sprünge als die Waldrehe. Die Gruppengröße variiert in offenen Biotopen zwischen 40-90 Tieren und im Wald beschränkt sie sich auf 10-15 Tiere (STRANDGAARD, 1972).

Während des Geweihwachstums im Winter ist das Territorialverhalten der Böcke bis nach der Brunft besonders ausgeprägt (STRANDGAARD, 1972; ANDERSEN, 1995; JOHANSSON et al., 1996). Sie durchwandern ihre Reviere, um es intensiv durch Schlagen und Stirnreiben zu markieren (HENNIG, 1962; KURT, 1991). Zu diesem Zweck befinden sich auf der Stirn Duftdrüsen, welche ein Sekret absondern (SEMPÉRE et al., 1996). Diese Drüsen bilden sich im Winter zurück und sind im Sommer während der Brunftzeit stark ausgeprägt (SCHUMACHER, 1936). BROOM und JOHNSON (1980) stellten fest, dass Böcke nur während der Brunftzeit aggressiv auf diesen Geruch reagieren.

In der Regel verteidigen adulte Böcke von Jahr zu Jahr die gleichen Territorien, welche, abhängig von Lebensraum und Populationsdichte, eine Fläche von 2 – 200 ha einnehmen können (SEMPÉRE et al., 1980; 1996).

Ricken ziehen sich kurz vor ihrer Niederkunft aus ihrem Familienrevier, welches sie mit ihrer Gruppe bewohnen, in separate Reviere zurück. Diese können sich mit Revieren eines oder mehrerer Böcke überlappen (CIBIEN et al., 1989).

BUBENIK (1960), KLÖTZLI (1965) und PRIOR (1968) stellten eine tageslicht-längenabhängige Aktivität der Rehe fest. Um Störungen durch den Menschen auszuweichen, werden sie vermehrt in den Nachtstunden aktiv.

## **2.4 Das Geweih**

Das Rehgeweih wird in der Jägersprache Gehörn genannt.

In Süddeutschland und in den Alpen wird das Geweih aufgrund dessen geringer Größe auch Gewichtel genannt. Des Weiteren existiert die Bezeichnung Rehkronen (RAESFELD, 2003).

### **2.4.1 Geweih vs. Horn**

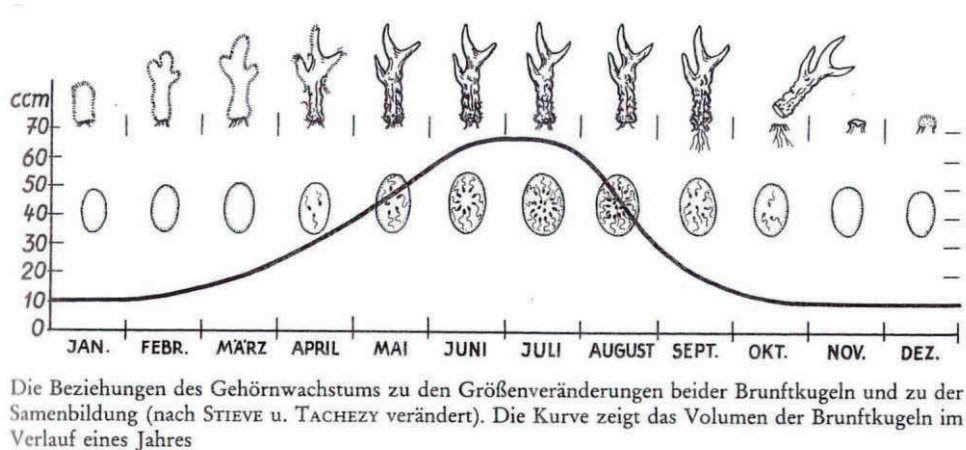
BUBENIK (1966) führte mehrere Beweise gegen eine Homologie von Horn und Geweih auf. Die Stirnbeinfortsätze der Geweihträger können im Gegensatz zum Knochenzapfen der Hornträger theoretisch überall am Stirnbein gebildet werden. Außerdem werden die Stangen der Geweihträger regelmäßig abgeworfen und neugebildet, während der Knochenzapfen des Horns dauerhaft besteht und nicht regeneriert werden kann (BUBENIK, 1966; KURT, 1970). Im Feinbau entsprechen Rosenstock und fertiges Geweih dem Stirnbein, das Horn dagegen besteht aus Hohlräumen, die der Stirnhöhle gleichen. Der Knochenzapfen wird von verhornender Haut bedeckt. RHUMBLER (1932) schloss daraus, dass der Hornstiel statt vom Stirnbein, von der Verhornungsstelle des betreffenden Hautbezirkes zur Bildung veranlasst wird.

Auch wird die Entwicklung der Hohlhörner nicht wesentlich durch Sexualhormone beeinflusst, wohingegen sie bei der Geweihbildung obligatorisch sind. Eine Ausnahme dabei bildet das Ren (*Rangifer tarandus*), folglich bilden auch die weiblichen Vertreter dieser Art Geweihe aus (BUBENIK, 1966).

#### 2.4.2 Entwicklungsgeschichte

In Anlehnung an die Cope'sche Regel (1896) handelt es sich bei den Geweihen um umweltunabhängige Mutationen, in denen Artenbildung und Höherentwicklung das Ziel sind. Hierzu zählen auch die Rückbildung des oberen Eckzahns und der Aufbau von Stirnbeinfortsätzen. Die Vorgänger des Geweihes waren als Waffe völlig ungeeignete Urkolben. Diese besaßen jedoch bereits Duftdrüsen, welche bei Reibung ein Sekret absonderten. Heute befinden sich die Duftdrüsen im Bastgeweih und unter der sogenannten Stirnlocke zwischen den Rosenstöcken. (RAESFELD, 2003)

#### 2.4.3 Geweihzyklus



**Abbildung 2:** Geweihzyklus des Rehs nach Raesfeld (2003)

Beim Bockkitz bilden sich bereits nach drei bis vier Monaten die ersten Geweihanlagen, die späteren Rosenstöcke. Es werden Haarbüschel bzw. Höcker sichtbar. Ab dem 7.-8. Monat sprießt das Erstlingsgehörn, auch Kitzgehörn genannt. Es

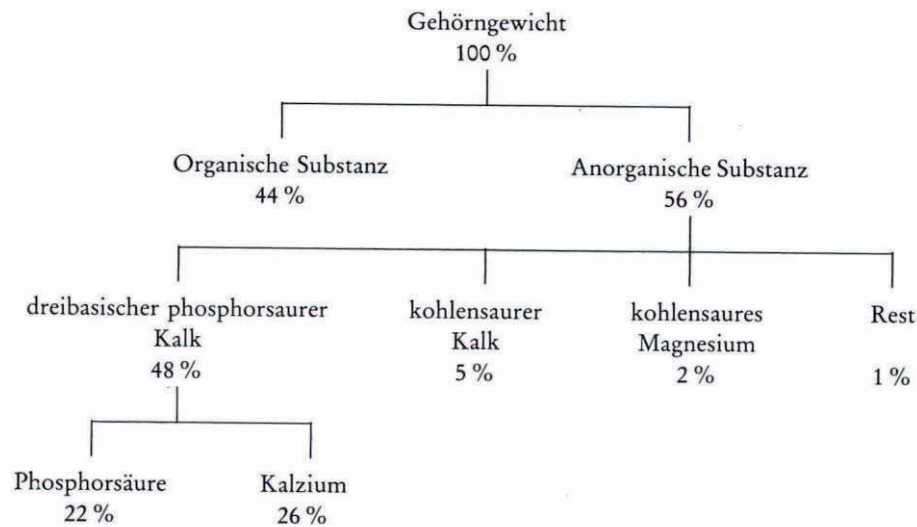
bleibt bei kleinen Knöpfen bzw. mehrere Zentimeter langen Zapfen. Das Wachstum wird von Dezember bis März unterbrochen. Die Jährlinge können dann Knöpfe, Spieße oder ganze Geweihe bilden. Verharrt die Entwicklung der Kitze bei der Rosenstockbildung, ersetzt das verspätete Erstlingsgeweih im Jährlingsalter das erste Folgegeweih. Dies betrifft vor allem schwächliche Kitze oder aber auch starke Kitze, die spät reifen (KURT, 1970; RAESFELD, 2003).

Zwischen Abwurf der alten Stangen und Fegen des neuen Geweihs vergehen ca. 20 Wochen. Das Geweih wird während des Wachstums von einer Nährhaut, dem Bast versorgt. Das Wachstum des Geweihs findet von außen nach innen statt, das Blut liefert Baustoffe in die gefäßreiche Basthaut, diese werden in Wachstumszonen aufgeschichtet. Außerdem werden Abfallstoffe venös abtransportiert. Das Geweih ist in dieser Zeit warm und aufgrund der Nervenversorgung auch schmerzempfindlich (KURT, 1970).

Die Stangen werden von Oktober bis November abgeworfen, in Extremfällen auch schon im September oder erst im Januar. Direkt im Anschluss wird ein neues Geweih gebildet und von Februar bis Juli, jedoch meist im April gefegt. Bei den anderen Cerviden wächst das Geweih erst im Frühling und im Sommer (SEMPÉRÉ, 1983b; RAESFELD, 2003).

#### **2.4.4 Feinbau des Geweihs und innere Prozesse**

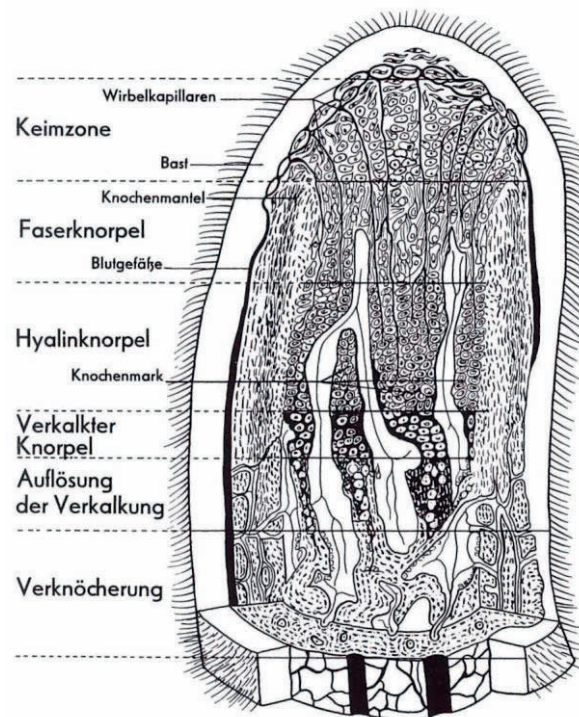
Das Geweih besteht zu 44 % aus organischer Masse und zu 56 % aus anorganischer Substanz, vor allem Kalk (Abb. 3).



**Abbildung 3:** Geweihfeinbau des Rehs nach Raesfeld (2003)

VOGT (1938, 1947) stellte fest, dass die Stangen aus während des Wachstums dargebotenen, überschüssigen Knochenaufbaustoffen gebildet werden. Die wichtigsten sind: Kohlenhydrate, Roheiweiß, Phosphor und Kalzium. Eine Bildung von Reserven aus Knochenaufbaustoffen ist nicht möglich. Das harte Knochengewebe ist nicht dehnbar und wächst daher nur durch oberflächlichen Anbau (= Apposition). So entstehen die Perlen auf der Geweihoberfläche.

Die äußere Rindenschicht ist sehr breit und macht den größten Teil der Geweihmasse aus. Der innere Teil der Kolbenstange (Abb. 4) ist spongiös, bei leichten Geweihen ist dieser Anteil größer. Das spezifische Gewicht beträgt durchschnittlich 1,9 (BUBENIK, 1966; HERBST, 2001; RAESFELD, 2003). Nach LOJDA (1956) wird die durchblutete Schicht des Kolbenmantels auch *Stratum vasculare* genannt und gehört sowohl zum Korium als auch zum Periost, welches der Kam-bialschicht anliegt.



**Abbildung 4:** Aufbau einer Kolbenstange nach Rhumbler (1929). Die Kolbenstange besteht aus einer Keimzone, dem Faserknorpel, Hyalinknorpel, verkalktem Knorpel und zuletzt dem verknöcherten Teil der Stange.

Darunter befindet sich die eigentliche Wachstumszone aus prochondralen Blasten und chondroider Schicht. Hier setzt der Verknöcherungsvorgang ein. Die endostale Apposition bildet eine weitere Zone, hier finden teilweise Destruktion und Metaplasie statt. Zuletzt kommt die eigentliche Knochenzone. Dicke und Ausdehnung der Zonen ist vor allem abhängig von der Wachstumsgeschwindigkeit. Der Rehbock besitzt im Vergleich zum Rot- und Damhirsch, bei denen man von einer Chondroklasie im Geweih ausgeht, ein kleineres und langsam wachsendes Geweih. Hier vermutet man eine metaplastische Umwandlung beim Verknöcherungsvorgang.

LOJDA (1956) konnte belegen, dass die „Rindenschicht“ der Kolbengeweihhe durch desmogene Ossifikation gebildet wird und dass im Inneren des Kolbens endostale Apposition und Knochenbau nebeneinander verlaufen. Bei einer desmogenen Ossifikation entsteht das Knochengewebe durch Umbau von Geflechtknochen zu lamellärem Knochen. Es entsteht ein Bindegewebsknochen, welcher sich vor allem in Schädelknochen befindet. Durch die röhrenförmige Ablagerung von Lamellen um Blutgefäße, entstehen die sogenannten Havers'schen Kanäle (BUBENIK, 1966).

Die Knochenbildung beginnt mit intramembranöser Ossifikation, aber bereits während des frühen Regenerationsprozesses wird hyaliner Knorpel auf dem knöchernen Balkenwerk der Rosenstöcke gebildet, weshalb die Stangen zunächst elastisch sind. Mittels Einlagerung von Calciumphosphat in Knorpelzellen und enchondraler Ossifikation wird der Knorpel durch Knochen ersetzt (KURT, 1970; HERBST, 2001). Die Zellen dafür stammen aus dem Rosenstock-Periost (KIERDORF et al., 2003). Würde man dieses Periostmaterial verlagern, entstünden Geweihstangen an dortiger Stelle, im Extremfall auch am Metakarpalknochen (HARTWIG et al., 1974). Auch v. BAYERN (1991) bestätigt, dass die Geweihbildung von der Knochenhaut des Rosenstocks ausgeht. Als Beweis dafür führt er auf, dass ein gebrochener Rosenstock, der verkehrt herum angewachsen ist, eine Stange hervorbringt, deren Augspross nach hinten zeigt. Der Rosenstock gilt beim Geweihaufbau also als das Fundament.

Die Stange wird in ihrer endgültigen Stärke gebildet, ein späteres Dickenwachstum, bis auf die Perlung, findet nicht statt (HERBST, 2001; RAESFELD, 2003). Aufgrund der Verknöcherung der Geweihstangen nimmt die Durchblutung bis zum Wachstumsstillstand ab. Nach Okklusion der Arterien des Bastes atrophiert dieser und trocknet aus (WISLOCKI et al., 1946; KURT, 1970). Die Aufbaustoffe lagern sich nun oberflächlich ab, es entstehen die sogenannten Perlen. Rillen entstehen, wenn die Betten der Bastblutgefäße verknöchern (KURT, 1970).



Der Testosteronspiegel steigt und regt den Bock dazu an, die welke Basthaut abzufegen (BUBENIK, 1966). Übrig bleibt schließlich das aus totem Knochen bestehende Geweih. Eine Blutzirkulation findet nur noch im Rosenstock statt (RAESFELD, 2003). ROLF et al. (2005) fanden in Untersuchungen mit Kontrastmitteln in den Blutbahnen dagegen heraus, dass das Geweih nach dem Fegen noch lange Zeit durchblutet wird. Im Rosenstock findet eine Sequestration von innen nach außen statt, die Stangen haften also bis zum endgültigen Abwurf fest am Schädel. Ein Teil des Rosenstocks wird mit abgebaut und muss im nächsten Geweihzyklus wieder ergänzt werden. Voraussetzung dafür ist eine intakte Knochenhaut (v. BAYERN, 1991). Eine Demarkationslinie bildet den Trennungsbereich zwischen lebendigem und totem Knochen (KURT, 1970).

Der Abwurf der Stangen hinterlässt an der Bruchstelle eine blutige Knochenwunde, die zum Schutz vor Infektionen rasch verschorft, abheilt und von Haut des Rosenstocks überwallt wird. Aus dieser an Leder erinnernden Narbenhaut entsteht später die Basthaut (HERBST, 2001). Diese ist sehr gefäßreich und stark innervert (RAESFELD, 2003).

Zudem führt nach Abwurf der Stangen die Aktivität der Osteoklasten und Osteoblasten zu einer Glättung der Bruchstelle an den Rosenstöcken, einer Stärkung des Rosenstockknochens und einer partiellen Wiederherstellung des distalen Rosenstocks, welcher zusammen mit dem Geweih abgeworfen wurde (HERBST, 2001). Die Glättung der Bruchstelle durch Osteoklasten führt auch dazu, dass die Rosenstöcke von Jahr zu Jahr niedriger werden (HERBST, 2001).

#### **2.4.5 Aufbau des Geweihs**

Im Querschnitt sind Geweihstangen (Abb. 5) rund-oval, sie befinden sich auf den Rosenstöcken, welche Auswüchse (*Processus cornu cervi*) der Stirnbeine (*Os frontale*) und somit fest mit der Schädeldecke verbunden sind. Über dem Rosenstock befindet sich ein Kranz großer Perlen, welcher auch Rose genannt wird und

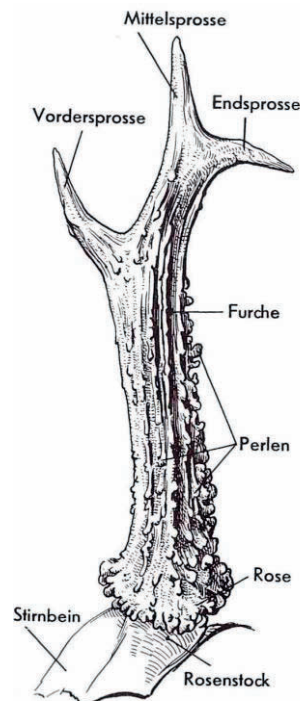
unterschiedliche, typische Formen ausbildet (KURT, 1970; HERBST, 2001; RAESFELD, 2003). Rillen entstehen durch Eintrocknen versorgender Blutbahnen (KURT, 1970). Die Rosenstockarchitektur ist geprägt von einer saisonalen Variation, mit hoher Porosität um die Zeit des Geweihabwurfs und einer sehr kompakten Knochenstruktur während der harten Geweihphase (KIERDORF et al., 2013). Unterhalb der Rosen, auf dem Stirnzapfen liegt das Petschaft, welches die Abwurf­fläche darstellt, unterschiedlich stark gewölbt und spongiös ist (RAESFELD, 2003). Bis auf kleine Unregelmäßigkeiten bleibt laut v. BAYERN (1981) der Grundriss ab dem dritten Lebensjahr weitestgehend gleich und wird zur Unterscheidung der Abwurfstangen mit herangezogen.

Als Fortsetzung der Rosenstockhaut entsteht die Basthaut. Sie dient als Schutz­mantel des Kolbengewebes und des Nerven- und Blutgefäßsystems, welches die wachsenden Stangen mit Nährstoffen versorgt (KURT, 1970). Nach LOJDA (1956) ähnelt dieser Hautmantel einer voll­differenzierten Haut mit Talg- und Duft­drüsen. Lediglich die Schweißdrüsen und *Mm. arrectores* fehlen (WISLOCKI et al., 1946; KURT, 1970). Außerdem befindet sich kein Muskelgewebe zwischen Haut­decke und Knochenteil (RHUMBLER, 1929). Die Länge, Dichte und Pigmentierung der Basthaare und –haut sind artspezifisch (BUBENIK, 1966).

Des Weiteren sind die Härchen der Basthaut im Unterschied zu den Härchen der Rosenstockhaut nicht markhaltig (KURT, 1970; RAESFELD, 2003). Die Blutversorgung geht von der *Arteria temporalis superficialis* aus, welche sich zunächst in zwei Äste aufteilt und im Kolben weiter verzweigt bis hin zu Kapillaren (KURT, 1970). Die Arterien enden ringförmig um den Rosenstock nahe den Rosen, hier bilden sich aufstrebende Blutbahnen über/durch die Perlen zum Bast hin bis in die Spitzen des wachsenden Scheitels. Über feine Verästelungen wird auch das Stangeninnere versorgt. Im Bast und im Stangeninneren befinden sich ableitende Gefäße (HERBST, 2001).

Der Geweihknochen unter dem Bast ist weiß, eine Verfärbung findet durch austretendes Blut und durch Fegen und Schlagen eingewirkte und oxidierende Pflanzensäfte statt (BUBENIK, 1966; KURT, 1970; RAESFELD, 2003).

Auf den Stangen selbst befinden sich Furchen, Riefen und weitere Perlen. Die Teilung der Stangen nennt man Enden oder Sprossen. Das nach vorne gerichtete Ende heißt Vordersprosse bzw. Augsprosse. Das nach hinten gerichtete Ende wird Hinter-, Rück- oder Endsprosse genannt und das nach oben gerichtete Ende wird als Mittelsprosse bezeichnet (RAESFELD, 2003). In der Regel werden nur diese drei Enden gebildet (BUBENIK, 1990).



**Abbildung 5:** Bestandteile des Geweihs (Raesfeld, 2003). Das Geweih besteht aus den Sprossen, dem Rosenstock mit der Rose und den am Ende des Wachstumsprozesses angelagerten Perlen. Die Furchen entstehen durch eingetrocknete Blutgefäße.

#### **2.4.6 Hormone beim Geweihwachstum und der Einfluss der Tageslichtlänge**

Treibende Kraft des Geweihwachstums ist das insulinartige Wachstumshormon IGF<sub>1</sub>, welches in der Leber oder in der Geweihwachstumszone selbst produziert wird und bei geringem Testosteronspiegel wirksam ist. Während der Kolbenzeit überwiegt IGF<sub>1</sub> (HERBST, 2001).

Bei zunehmender Tageslichtlänge schüttet die Hypophyse Gonadotropin aus, welches das Hodenwachstum anregt und somit auch die Bildung reifer Spermien und von Testosteron fördert (KURT, 1970). Zunächst regt Testosteron die Bildung der Rosenstöcke an. Diese entwickeln sich unter dem Einfluss des Wachstumshormons STH (Somatotropin), welches in der Hypophyse gebildet wird, weiter. STH fördert die Entwicklung der Stangen und wird dabei vom Schilddrüsenhormon Thyroxin unterstützt. Da die Adenohypophyse mit dem Hypothalamus verbunden ist, kann der Stoffwechsel durch die Umwelt beeinflusst werden. Testosteron als Gegenspieler löst die Samenbildung vor der Brunft aus, hebt bei steigendem Spiegel die Wirkung des Geweihwachstums auf und leitet Verkalkungs- und Verknöcherungsprozesse im Geweih ein (BUBENIK, 1966).

Sobald die Tageslichtlänge wieder abnimmt, wird die Gonadotropin- und somit auch Spermienreifung und Testosteronbildung wieder reduziert und beendet. Setzt die Wirkung des Testosterons verspätet ein, kann sich ein Luxusgeweih bilden (KURT, 1970; HERBST, 2001).

EIBERLE und GAUTSCHI wiesen mit ihrer Studie von 1928-1978 nach, dass der Lichtfaktor einen signifikanten Einfluss auf die Geweihentwicklung hat, insbesondere nach der Wintersonnenwende. So wirkt sich viel Tageslicht positiv auf die Entwicklung aus, da so auch hormonelle Prozesse, welche den Geweihzyklus steuern, begünstigt werden.

Extreme winterliche Temperatureinflüsse wirken sich allenfalls auf kleinwüchsige Böcke aus, größere Tiere sind weniger empfindlich (EIBERLE, 1987).

In einer 1992 publizierten Studie von SEMPÉRÉ et al. wurde der Einfluss der Fotoperiode auf die Sekretion von luteinisierendem Hormon (LH) und Testosteron im Bezug auf den Geweihzyklus beim Reh bewiesen. Es stellte sich unter anderem heraus, dass Böcke, welche bei einer konstanten Kurztagsperiode (8h Licht, 16h Dunkelheit) gehalten wurden, ihre Stangen nach 193 +/- 10 Tagen, also ca. sechs Monaten abgeworfen hatten, während dieser Vorgang bei Böcken unter natürlichen Bedingungen nach 369 +/- 6 Tagen auftrat und somit der Geweihzyklus eine Dauer von etwa einem Jahr hatte.

#### **2.4.7 Geweihformen**

Früher nahm man an, dass die Geweihstufen (Spießer-, Gabler-, Sechserstufe) beim Reh mit dem Alter zusammenhängen. Heute weiß man jedoch, dass die Stufen davon unabhängig sind (KURT, 1970; RAESFELD, 2003).

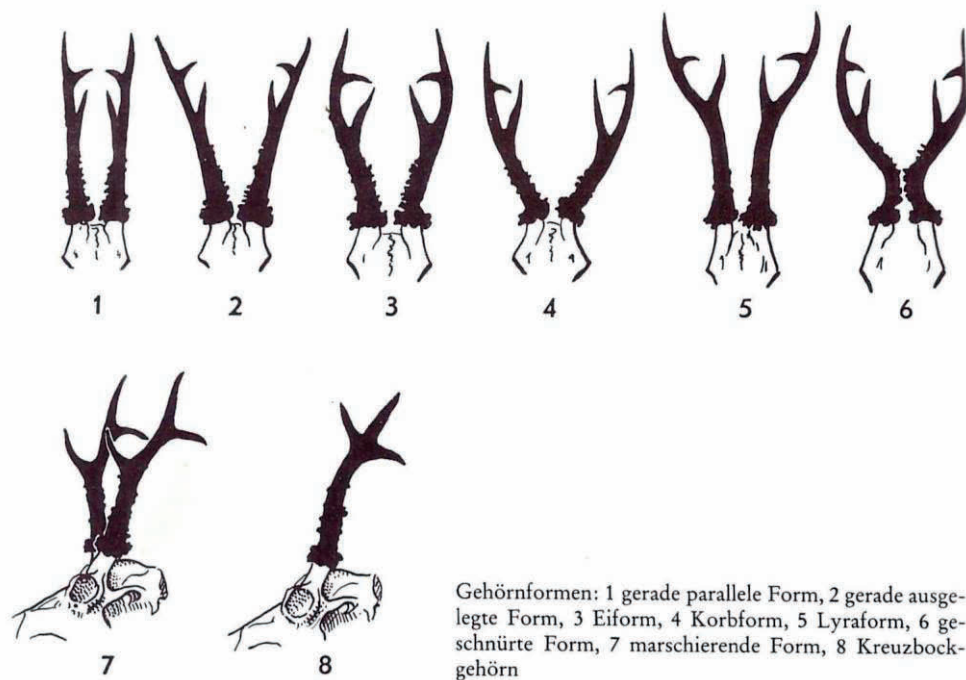
Allerdings ist durch COGHO (1886) bekannt, dass die Rosenstocklänge abnimmt und der Durchmesser mit dem Alter zunimmt. Befinden sich die Rosen direkt am Schädel, handelt es sich bei den betreffenden Tieren um sehr alte Böcke (BUFFON, 1753; HÜBNER, 1938; KRÖNING, 1941; BANFIELD, 1960; KURT, 1970).

Der Herzog von Bayern (1977) zog allgemeingültige Regeln bezüglich der Geweihentwicklung in Zweifel, nach ihm kann sich alles auch unabhängig vom Alter verändern. Dies betrifft Enden, Farben, Auslage (weiter/enger) und Stellung der Stangen, die Geweiharchitektur, die Beschaffenheit des Geweihknochens und dessen spezifisches Gewicht und auch die Perlung, Rosen und Petschaft.

Im Gegensatz dazu lassen sich Abwurfstangen von Hirschen leichter identifizieren, da deren Geweihe mit dem Alter an Größe zunehmen und ansonsten ähnlich bleiben.

Um die „Geweihstufe“ zu erfahren zählt man alle Vereckungen des Geweihs zusammen. Bei ungleicher Anzahl der Vereckungen werden die Enden der sprossenreichsten Stange für eine korrekte Benennung addiert und mit dem Faktor 2 multipliziert, anschließend stellt man der ermittelten Benennung ein "ungerade" voran. Bei Spießen fehlen jegliche Vereckungen, sie treten auf bei jungen, kümmernden oder sehr alten Böcken. Diese Schwäche kann soweit führen, dass Knopfspieße auftreten. Ebenso gelten sogenannte Luxusgehörne, welche aus mehr als 8-10 Enden bestehen, als Abnormität, welche in Jägerkreisen auch Regelwidrigkeit genannt wird.

Bei der Betrachtung des Geweihs von vorne kann man die sogenannte Auslage erkennen, dies bezeichnet die weiteste innere Entfernung der Stangen zueinander (KURT, 1970). GAGERN (1900) hat die verschiedenen Formausprägungen des Geweihs in Gruppen eingeordnet (Abb. 6).



**Abbildung 6:** Geweihformen nach Gager (1900)

Bei seinen Beobachtungen stellte v. BAYERN (1981) fest, dass der Hauptsprung in der Geweihentwicklung vom ersten auf das zweite Jahr stattfindet. Die Leistung (eine gute Ernährung vorausgesetzt) ist zudem zwischen dem zweiten und fünften Lebensjahr am höchsten und nicht, wie oft behauptet, zwischen dem achten bis 14. Lebensjahr.

Nach VOLMER und HERZOG (1995) befindet sich die Entwicklung des Körpergewichtes bei männlichen und weiblichen Kitzen im ersten Lebensjahr etwa auf dem gleichen Niveau. Im Winter bricht die Entwicklung ein, im zweiten Lebensjahr nimmt die Entwicklung der Böcke hochsignifikant zu, um sich in den nächsten Lebensjahren wieder der Entwicklung der Ricken anzunähern. Ab dem sechsten Lebensjahr beginnen die Körpergewichtswerte abzunehmen, dies betrifft im besonderen Maße die weiblichen Vertreter. Im Schnitt betragen die Gewichtsun-

terschiede zwischen den Geschlechtern ab dem zweiten Lebensjahr zwei bis drei Kilogramm (14-16 %).

Unterschiede in der Geweihentwicklung werden von der genetischen Disposition, Hormonen, Jugendentwicklung, Gesundheitszustand, Stress, Sozialverhalten, Parasiten, Nahrungsangebot, Pestiziden, etc. beeinflusst und sind unabhängig von der Wilddichte (HERBST, 2001; RAESFELD, 2003). Schlechtere Aufwuchsbedingungen prägen die Kitze auch im späteren Leben, Verbesserungen der Lebensbedingungen werden erst bei Nachkommen sichtbar (RAESFELD, 2003).

Von VOLMER und HERZOG über mehrere Jahre hinweg durchgeführte Untersuchungen (1995) ergaben dagegen, dass die Zahl schwacher Tiere und Knopfböcke mit steigender Wilddichte in der Gehegehaltung zunimmt und die Kitzentwicklung sich verschlechtert. Nachgewiesenermaßen sind hierbei nicht Parasiten die Ursache gewesen, sondern sozialer Stress in überbesetzten Gattern. DUDZINSKI (1993) führt eine Zunahme des mittleren Körpergewichts bei verringerter Bestandsdichte allerdings auch auf verringerten Parasitenbefall zurück. Des Weiteren haben fremde Populationen zunächst Anpassungsprobleme, welche sich in verminderter Reproduktion und vermehrten Abgängen niederschlagen. Somit unterliegen Körper- und Geweihgewichte durchaus Alters-, Standort- und Familieneinflüssen. Da Körper- und Geweihgewichte außerdem hochsignifikant korrelieren, nimmt das Geweihgewicht mit dem Körpergewicht des Bockes zu.

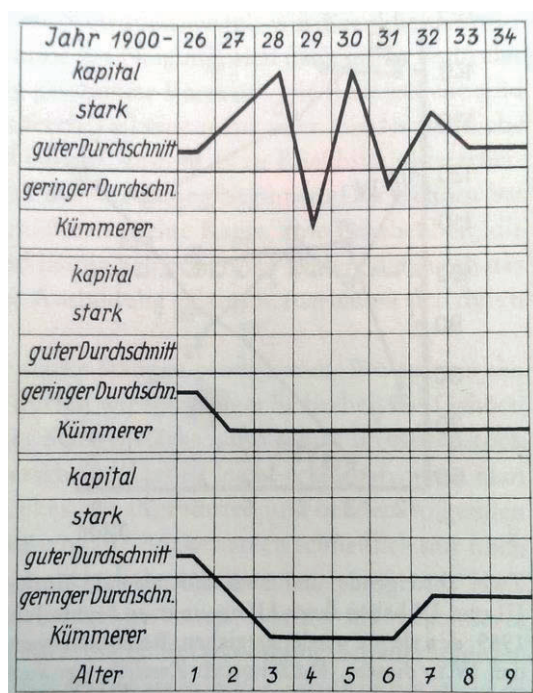
In einem Gehege sollten sich maximal zwei starke Böcke befinden, anderenfalls werden vermehrt Knopfböcke hervorgebracht und es tritt stressbedingte Kachexie auf (VOLMER et al, 1995).

In Bezug auf diese durch Umwelt und Ernährung bedingten Schwankungen wies unter anderem MEUNIER (1977, *nach v. BAYERN*) auf „gute und schlechte Geweihjahre“ hin. Es gestaltet sich jedoch schwierig, in Bezug auf Geweihformen Umwelteinflüsse von Erbmerkmalen und Altersveränderungen zu unterscheiden



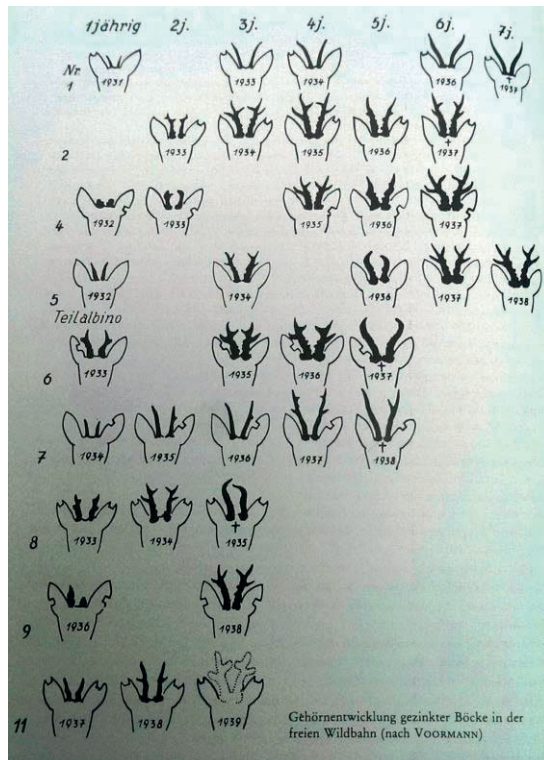
(KURT, 1970). Dies unterstützt auch die Thesen des Herzogs von Bayern, nach denen die Geweihmerkmale altersunabhängig von Jahr zu Jahr differieren können.

RHEINFELS untersuchte 1925-1934 drei an den Ohren gekennzeichnete Böcke und stellte insbesondere bei einem Bock Schwankungen in der Geweihentwicklung fest (Abb. 7).



**Abbildung 7:** Geweihentwicklung drei gekennzeichnete Böcke nach Rheinfels (1935). Der erste Bock ist in mehreren Jahren stark überdurchschnittlich, gilt in einem Jahr (1929) aber auch als Kümmerner. Der zweite Bock und dritte Bock haben eine konstant unterdurchschnittliche Geweihentwicklung, wobei sich das Geweih des dritten Bocks in den späteren Jahren besser entwickelt.

Von 1930-1939 untersuchte VOORMANN die Geweihentwicklung bei Böcken, welche im Kitzalter durch individuelle Kerbungen in ihren Ohren markiert wurden und in freier Wildbahn lebten. Auch er stellte Schwankungen in der Geweihentwicklung fest, wie beispielsweise ein vorübergehendes Zurücksetzen des Geweihs (Abbildung 8, Böcke Nr. 2, 4 und 5).



**Abbildung 8:** Geweihentwicklung gezinkter Böcke nach Voormann (1939). Bock 1 bleibt ein schwacher Bock mit dünnen Spießen; Bock 2 ist stärker, setzt aber mit fünf Jahren temporär zurück; Bock 3 ist, ebenso wie Bock 10, nach der Markierung nicht mehr aufgetaucht; Bock 4 ist im zweiten und fünften Jahr schwach; Bock 5, ein Teilalbino, setzt ebenfalls mit fünf Jahren vorübergehend zurück; Bock 6 setzt im Jahre seines Todes nur noch Spieße auf; Bock 7 bleibt zeitlebens ein schwächerer Bock mit dünnen Stangen, kaum Vereckungen und Perlung; Bock 8 war von Rachenbremsen befallen und wurde mit drei Jahren völlig altersschwach von einem Hund gerissen; Bock 9 kann seine anfangs schwachen Stangen ausgleichen; Bock 11 hat vor seinem Verschwinden eine gute Entwicklung.

Laut DOHMEN (1974) jedoch, hat der Bock etwa von seinem dritten bis zum siebten Lebensjahr die gleiche typische Geweihform, welche einem „erblich fixierten Bauplan“ unterliegt. Auch CLAUSSEN (1991) ist der Ansicht, dass Gehörnformen sich innerhalb von Familien über Jahre und Generationen hinweg

vererben. Lediglich die Stärke der Ausformung ist durch die Umwelt beeinflussbar.

Formverschiedenheiten können durch die Stellung der Rosenstöcke (nach innen gerichtet, parallel gestellt oder nach außen geneigt, weit bis eng gestellt), die Blutversorgung der wachsenden Stangen und auch durch Stoffwechselvorgänge bedingt sein. Bei gleichmäßiger Blutzufuhr ist die Form gerade, bei einer überwiegend äußeren Blutzufuhr neigt die Stange zu einer korbformigen Krümmung und bei einer besser versorgten Innenseite wächst die Stange nach hinten. Da die Richtung des unteren Stangenteils meist mit der des Rosenstocks übereinstimmt, wird das Geweih bei parallelen Rosenstöcken ebenfalls gerade parallel oder lyraförmig, bei nach außen gerichteten Rosenstöcken dagegen gerade ausgelegt oder ei- bis korbformig und bei nach innen gestellten Rosenstöcken geschnürt, was zu Verwachsungen führen kann.

Des Weiteren bleibt nach RAESFELD (2003) der Typus des Geweihs beim jeweiligen Bock stets gleich, was durch zahlreiche Abwurfserien von Gehegeböcken bewiesen werden konnte.

Die Form und Größe der Rose kann ebenfalls stark variieren. Kranz- und Schnurrosen unterscheiden sich in der Höhe, Unterschiede in der Form ergeben sich zwischen Teller- und Dachrosen. Die Kranztellerrose ist die gewöhnliche Form (RAESFELD, 2003).

In den Abbildungen 9-11 werden verschiedene Beispiele für Unterschiede und Veränderungen in den Rosenformen gezeigt.



**Abbildung 9:** Rosenformen: diese Stangen weisen von links nach rechts eine Teller-, Tropfen- und Kranzrose auf (v. Bayern, 1977).



**Abbildung 10:** Wechsel der Rosenformen: die Stange rechts neben dem Bockschädel weist eine Tropfenrose auf, bei seinem Tod trug der Bock jedoch Kranzrosen. (v. Bayern, 1977).



**Abbildung 11:** Wechsel der Rosenformen: beide Stangen stammen von einem Bock, hier findet ein Wechsel von Kranz- (links) zu Tropfenrose (rechts) statt (v. Bayern, 1977).

Nach HERBST (2001) ist eine Dachrose (Abb. 12) genetisch bedingt und hängt nicht unbedingt vom Alter ab. Generell sind Rosenformen im Erbgut festgelegt. Zu diesem Schluss kam er unter anderem durch Beobachtung eines verletzten Rosenkopfes – denn die Form der Rose blieb erhalten



**Abbildung 12:** Dachrosen (v. Bayern). Sie werden auch Schirmrosen genannt und sind charakteristischerweise etwas nach unten gebogen (Herbst, 2006).

Komplett fehlende Rosen können auf eine Belastung mit Pestiziden zurückgeführt werden oder erblich bedingt sein (Abb. 13). Scheinrosen (Abb. 14) entstehen häufig durch Verletzungen der Baststangen (HERBST, 2001).



**Abbildung 13:** Gablergeweih mit fehlenden Rosen (möglicherweise verursacht durch eine Pestizidbelastung) (Raesfeld, 2003)





**Abbildung 14:** Scheinrosen oberhalb der eigentlichen Rosen (verursacht durch Verletzung der Baststangen) (Herbst, 2001)

Petschafte sind ebenfalls sehr variabel. Dies zeigen die Abbildungen 15 und 16. So kann sich die Fläche des Petschaftes mit fortschreitendem Alter von konvex nach konkav oder von horizontal nach schräg verändern. Der Durchmesser kann kleiner werden oder eine ovale Form annehmen.



**Abbildung 15:** Veränderungen des Petschaftes bei einem Bock. Das Petschaft verändert sich von horizontal (rechts) nach schräg (links) (v. Bayern, 1977).



**Abbildung 16:** Veränderungen des Petschaftes bei einem Bock. Bei der Stange ganz links war der Bock ein Jährling, bei der zweiten von links war der Bock 3jährig, anschließend 4-, 5- und 6jährig. Das Petschaft wird über die Jahre immer konkaver. Im fünften Jahr ist es aufgrund gesundheitlicher Probleme viel kleiner als im vierten und sechsten Jahr (v. Bayern, 1977).

Zu Unterschieden in der Perlung kann es durch unterschiedliche Äsungsbedingungen kommen, da die Ausprägung von der Menge der Nährstoffe, die für das Geweihwachstum erübrigt werden können und der Zeit gegen Ende des Kolbenwachstums abhängt. Der Perlentyp kann genetisch bedingt und für jedes Tier eigen sein oder durch schnellen bzw. stark ansteigenden Testosteronspiegel auch ganz ausbleiben (HERBST, 2001). Die Abbildungen 17-19 zeigen verschiedene Arten der Perlung.



**Abbildung 17:** Die kräftige Perlung dieser Stangen erinnert an zusätzliche Enden (Herbst, 2001)



**Abbildung 18:** Die Perlung dieses Bockes ist sehr fein und korallenartig (Herbst, 2001). Das Geweih erinnert an einen Perückenbock.





**Abbildung 19:** Dieser Bock besitzt ein starkes Geweih, erkennbar an der Sprossenbildung und der Rose. Trotzdem ist die Perlung vollständig ausgeblieben. Das kann genetisch bedingt sein oder durch einen starken Testosteronschub, der das Geweihwachstum unterbricht (Herbst, 2001).

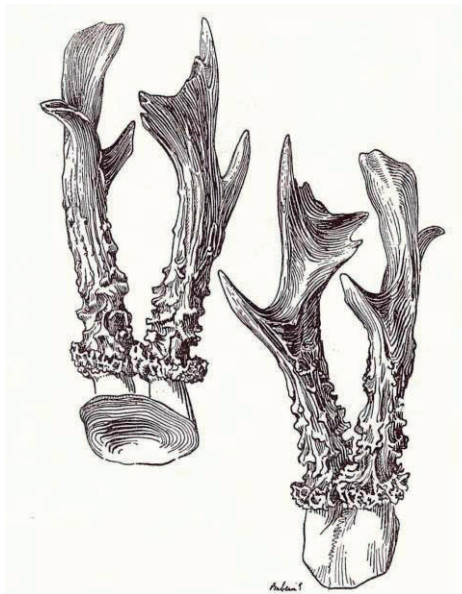
#### **2.4.8 Von der Norm abweichende und pathologische Formen des Geweihs**

Aufgrund verschiedenster Ursachen, wie Stoffwechselstörungen, Verletzungen der Geweihe während des Wachstums, Verletzungen der Extremitäten oder innerer Organe, Revierkämpfe, Parasiten, Frost, Hunger oder genetischer Prädispositionen können Geweihmissbildungen auftreten (RÖRIG, 1906; HERBST, 2001). Auch innerliche oder äußerliche Verletzungen des Rehkörpers können zu Missbildungen des Geweihs führen. Der Grad der Missbildung hängt von Schwere der Verletzung und Zeitpunkt des Geweihzyklus ab. Heilen die Verletzungen, sind Geweihmissbildungen temporär, bleiben diese, wie beispielsweise bei dauerhaften Lähmungen, werden immer wieder neue pathologische Geweihe geschoben. Jedoch werden diese Abweichungen nicht vererbt (RÖRIG, 1906).

#### 2.4.8.1 Tulpengeweih

Nach HERBST (2001) sind die Tulpengehörne (Abb. 20) von Rehen aus Nienburg a. d. Weser auf eine wahrscheinlich rezessiv vererbte, seltene Mutation zurückzuführen. Dabei lagert sich übermäßig viel Knochenmaterial an den Stangen ab. Diese Geweihe bestehen aus kurzen, dicken Stangen mit tulpenförmigen Enden. Rose und Perlung sind meistens normal (KURT, 1970; HERBST, 2001).

BRANDT (1901) sah in den Nienburger Tulpengehörnen den Beweis für die Vererblichkeit der Geweihformen.



**Abbildung 20:** Tulpengeweih (Bubenik, 1966) – die Stangen sind auffallend dick und weisen miteinander verwachsene Enden auf, die an Tulpen erinnern.

#### **2.4.8.2 Schaufelgeweih**

Nicht zu verwechseln sind Tulpengehörne mit Schaufelgeweihen (Abb. 21), bei denen die Stangen länger sind und schwimnhautähnliche Verbreiterungen aufweisen. Auch Schaufelgeweihe entstehen aufgrund einer genetischen Disposition (HERBST, 2001).



**Abbildung 21:** Schaufelgeweih (Herbst, 2001) – die Enden sind schaufelartig miteinander verwachsen.

#### **2.4.8.3 Verwachsungen, zusätzliche Enden, Krallen, falsche Rosenstöcke**

Es können Bildungs- und Wachstumsfehler auftreten, unter anderem durch Verwachsung der Stangen aufgrund verschmolzener bzw. sehr eng stehender Rosenstöcke (Abb. 22). Die Engstellung der Rosenstöcke ist auf Entwicklungsfehler während des embryonalen Wachstums zurückzuführen. Ursachen dafür können erblich bedingt sein oder an Nährstoffmangel, Vergiftung o.ä. liegen. Durch eine Knochenhautentzündung der Rosenstöcke kann das Geweih krankhaft in die Dicke wachsen (HERBST, 2001; RAESFELD, 2003).

Durch Beschädigungen der Rosenstöcke oder des besonders empfindlichen Kolbenscheitels können Einstangigkeit, zusätzliche Enden oder sogenannte Krallen entstehen. Ortsfremde Stangen oder Reiterknochen, sogenannte „falsche“ Rosenstöcke, treten bei abgesplitterten Rosenstockteilen bzw. beschädigten Stirnbeinen auf. Böcke mit Rosenstockbrüchen, Verletzungen der Stirnbeine und der Geweihfundamente bleiben zeitlebens abnorm.

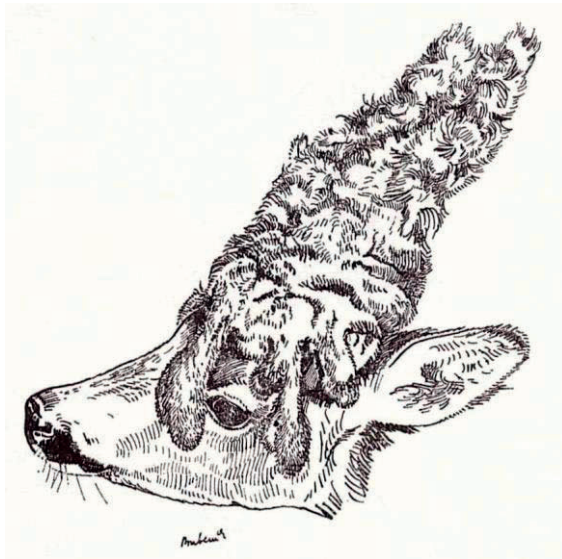


**Abbildung 22:** Verwachsene Stangen (Herbst, 2001) – die Rosen und Stangen sind an der Basis miteinander verwachsen und trennen sich später aufgrund eigener Bildungszentren.

#### 2.4.8.4 Plattköpfigkeit, Perücke

Die vollständige Kastration eines präpubertären Bockes verhindert lebenslang dessen Geweihentwicklung (Plattköpfigkeit, auch Mönch genannt), es sei denn, es werden Geschlechtshormone verabreicht. Dann bilden sich zwar Rosenstöcke aus, doch es werden nur Perücken geschoben (BUBENIK, 1966; KURT, 1970).

Bei der Perücke wachsen das Geweih, bzw. die Perlen unbegrenzt weiter, ohne gefegt zu werden. Ist das Geweih bereits gefegt, wird es abgeworfen und anschließend eine Perücke gebildet. Dies geschieht auch nach anschließender Injektion von Testosteron. Daraus wird geschlussfolgert, dass Testosteron die Bildung der Rosenstöcke veranlasst. Nach BUBENIK (1966) und KURT (1970) gibt es zwei Formen der Perücken: Eine Perücke, die besonders rasch nach oben wuchert wird aufgrund ihrer Form auch Bischofsmütze (Abb. 23) genannt, hierbei liegt eine Bastwucherung vor. Findet das Wachstum der Wucherung jedoch langsam und im Kolbengewebe statt, ohne häutige Anhängsel, liegt eine Helmperücke (Abb. 24) vor.



**Abbildung 23:** Bischofsmütze (Bubenik, 1966) – diese Perückenform wuchert stark nach oben und weist die charakteristische Form einer Bischofsmütze auf.



**Abbildung 24:** Helmperücke (Bubenik, 1966) – bei dieser Perückenform liegt eine langsame Wucherung ohne Hautanhängsel vor.

In der Regel sterben betroffene Perückenträger nach spätestens drei Jahren, da es aufgrund des Drucks durch die Perücke zu Nekrosen der Stirnhaut, Eiterung und gleichzeitiger Osteoporose der Schädelknochen bis hin zur Perforation und damit verbundenen Infektionen und Sepsis kommt. Hinzu kommt häufig ein Madenbefall.

Kastration eines adulten Bocks hat ebenfalls eine Perückenbildung zur Folge, auch nach anschließender Gabe von Geschlechtshormonen (BUBENIK, 1966; KURT, 1970; HERBST, 2001; RAESFELD, 2003). Eine Testosteroninjektion bei einem erwachsenen, nicht kastrierten Bock führt zu einem Wachstumsstopp des Geweihs und dem Eintreten der Fegephase.

In seltenen Fällen können durch die Flucht durch das Unterholz oder über Stacheldraht die Hoden verletzt und somit ebenfalls eine Plattköpfigkeit bzw. Perückenbildung ausgelöst werden (KURT, 1970). Plattköpfigkeit kann zudem durch Verletzungen des Stirnbeins oder Rosenstocks entstehen (RAESFELD, 2003).

#### **2.4.8.5 Rickengehörn**

Hormonstörungen, Erkrankungen oder Verletzungen des Stirnbeins und Zwitterbildung können bei Ricken die Bildung eines Rickengehörns verursachen (HERBST, 2001; RAESFELD, 2003). Rickengehörne sind stets missgebildet, hypo- oder hyperplastisch und werden weder gefegt, noch gewechselt (RÖRIG, 1906).

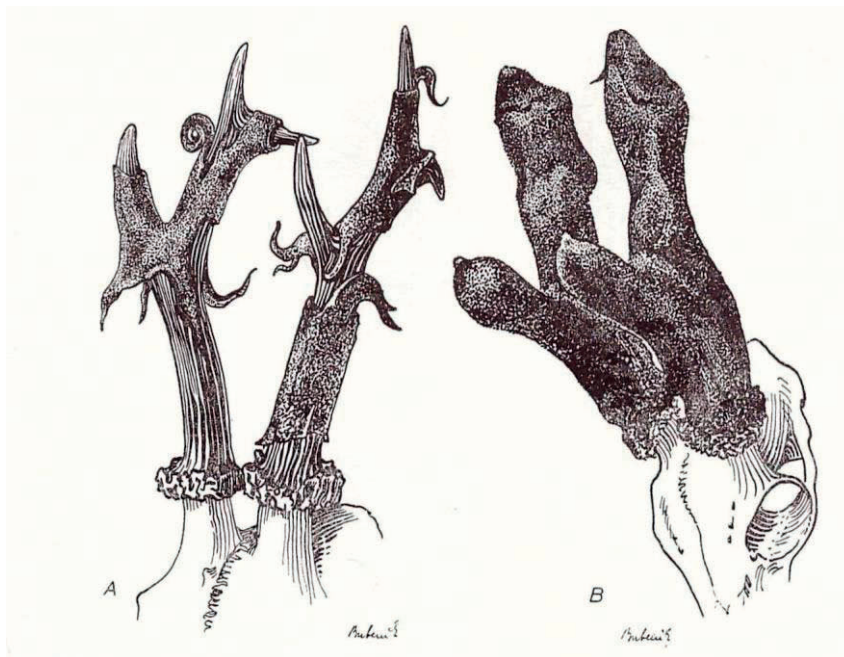
#### **2.4.8.6 Doppelkopf**

Bei einem Doppelkopf wächst ein neues Geweih, ohne dass vorher die alten Stangen abgeworfen wurden (KIERDORF et al., 1994). Hierbei liegt eine Hyperfunktion des Hodenzwischengewebes vor. Der Testosteronspiegel ist zu hoch, sodass eine tiefergehende Verkalkung der Rosenstöcke auftritt. Dadurch wird der Abwurf des Geweihs verzögert, die alten Stangen sitzen also noch fest, wenn neue Kolben geschoben werden. Aus Platzmangel wachsen diese seitlich an den Rosenstöcken. Wiederholt sich dieser Vorgang, entsteht ein Tripelkopf (BUBENIK, 1966).

#### **2.4.8.7 Pergament-, Leder-, Pechgehörn**

Bei Pergament- und Ledergehörnen (Abb. 25A) konnte der Bast nicht von den Stangen gefegt werden.

Bei einem Pechgehörn (Abb. 25B) ist der Bast vor Reife des Geweihs durch Entzündung derartig verändert, dass auch hier ein Abfegen nicht möglich ist (RAESFELD, 2003).

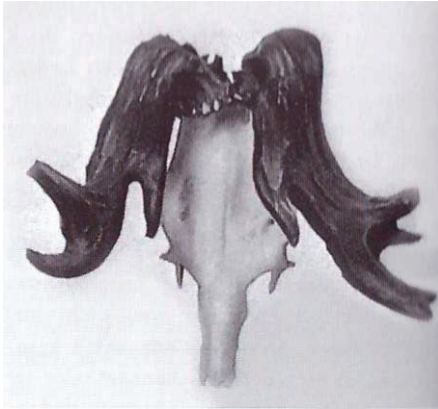


**Abbildung 25:** A = Pergamentgehörn – es bleiben Bastreste am Geweih hängen;  
B = Pechgehörn – das Geweih ist durch Entzündungen im Bast stark verdickt  
(Bubenik, 1966)

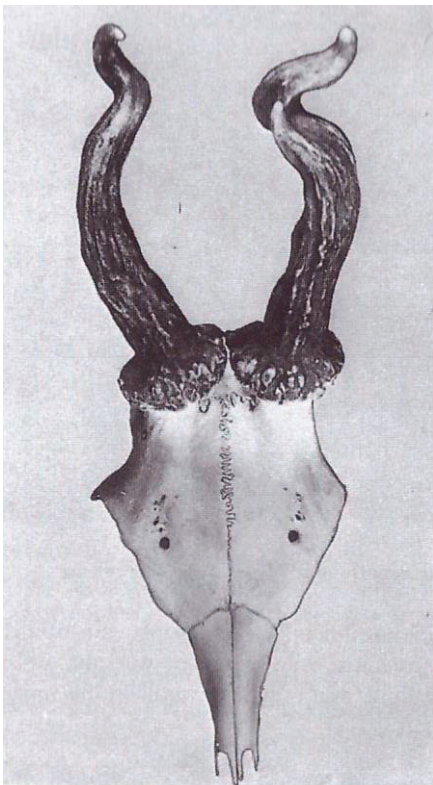
#### 2.4.8.8 Widder-, Korkenziehergehörn

Störungen des Stoffwechsels oder massiver Parasitenbefall können ebenfalls Geweihmissbildungen hervorrufen. Beispiele dafür sind Widder- (Abb. 26) und Korkenzieherbildung (Abb. 27), bedingt durch reduzierte Verkalkung und verzögerte Verknöcherung aufgrund einer enteralen Hungerosteopathie (KURT, 1970; PORTMANN, 1970). Dadurch entstehen zunächst eine partielle Knochenerweichung und anschließend Looser'sche Umbauzonen. Dies sind Querstreifen unverkalkter, erweichter Knochengrundsubstanz. Letztendlich führen diese Umbauzonen zu glatten Querbrüchen der Stangen und Stummelgeweihen, welche auch für Frostgeweihe gehalten werden (PORTMANN, 1970; 1971).





**Abbildung 26:** Widdergehörn (Raesfeld, 2003) – aufgrund verzögerter Verkalkung und Verknöcherung hat sich das Geweih zunächst nach unten gebildet.



**Abbildung 27:** Korkenziehergehörn (Raesfeld, 2003)

#### **2.4.8.9 Faule/brandige Enden, Moorgeweih**

Faule, bzw. brandige Enden oder Moorgeweihe entstehen ebenfalls aufgrund unzureichender/verspäteter Verkalkung, die Stangen sind kürzer und porös, dadurch besteht eine Abbruchgefahr durch Fegen und Schlagen (BUBENIK, 1966). Die Porosität ist auf ein grob angelegtes System der Havers'schen Kanäle zurückzuführen. Die Geweihe sind großporig, sodass während des Fegens vermehrt Blut mit den Pflanzensäften und der Luft in Verbindung kommt. Dies hat die typisch dunkle Verfärbung der Moorgeweihe zur Folge (OLT et al., 1932). Tritt dieses Merkmal jedoch bei Erstlings- bzw. Folgegeweihen zu Tage, ist dies auch ein Zeichen guter Veranlagung und einer Endenfreudigkeit (RAU, 1931; VOGT, 1947; FREVERT, 1959; BUBENIK, 1966). Laut BUBENIK (1966) können Moorgeweihe zudem regional und erblich bedingt sein.

#### **2.4.8.10 Gummigehörn**

Fällt die Verknöcherung des Geweihs völlig aus, bleibt ein biegsames Gummigehörn (Abb. 28). Die ausbleibende Kalkproduktion kann durch extreme Kälte, Parasitenbefall und Rachitis ausgelöst werden. Meist sind beide Stangen betroffen. In der Regel wird im folgenden Geweihzyklus ein gesundes Geweih geschoben, außer es handelt sich um eine chronische Erkrankung (KURT, 1970; RAESFELD, 2003).

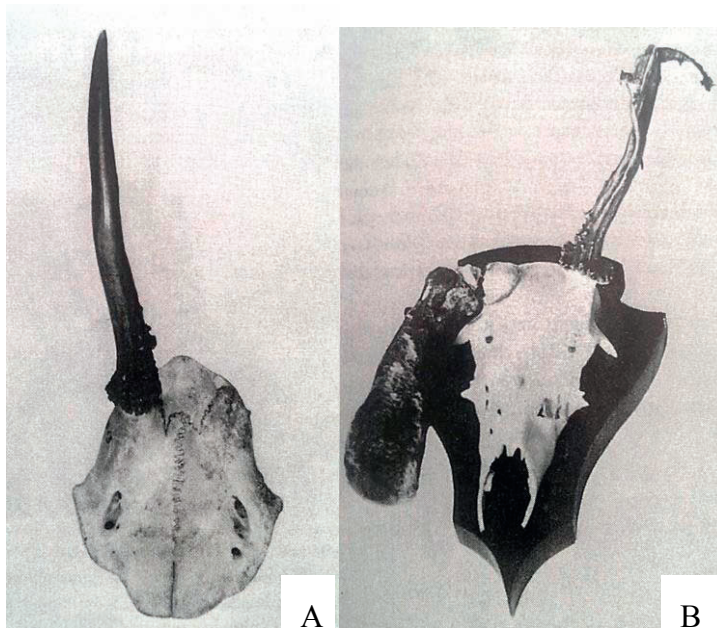


**Abbildung 28:** Gummigehörn (Raesfeld, 2003)

#### **2.4.8.11 Nebenrose, Nebenstange, Einstangenbock, Pendelstange**

Durch Verletzungen des Stirnbeins oder Rosenstocks aufgrund von Unfällen kann es zur Entstehung von Nebenrosen bzw. Nebenstangen kommen (BUBENIK, 1966; KURT, 1970; HARTWIG et al., 1974).

Auch Einstangenböcke (Abb. 29A) können aus diesen Verletzungen hervorgehen.

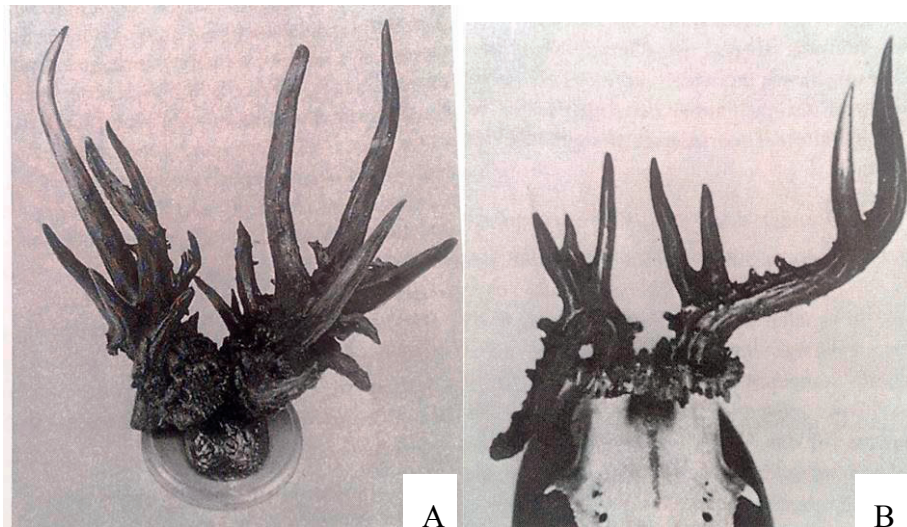


**Abbildung 29:** (A) Einstangenbock und (B) Rosenstockbruch mit keulenförmiger Pendelstange (Raesfeld, 2003)

Ist die Heilung einer gebrochenen, aber noch anhaftenden Stange gestört, kann ein Scheingelenk entstehen, welches für eine Beweglichkeit der Stange, deshalb auch Pendelstange (Abb. 29B) genannt, sorgt. Eine Pendelstange liegt auch dann vor, wenn der Bruch vollständig ist und die Stange lediglich noch von der Haut gehalten wird (KURT, 1970; RAESFELD, 2003).

#### **2.4.8.12 Vielendigkeit, Stummelgehörn, Knickbruch, Blasengehörn**

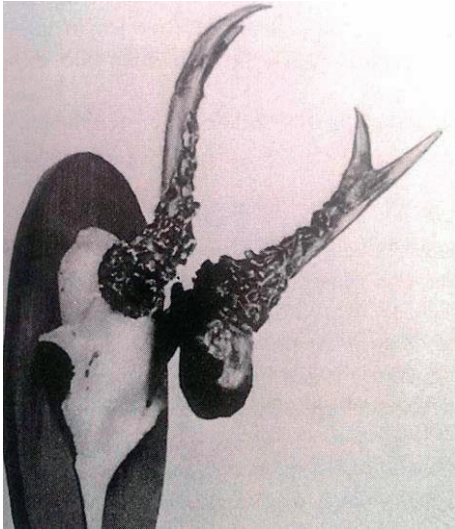
Bei Verletzung der Kolbenstange, damit verbundener Vernarbung des Bastes und Entstehung neuer Keimbezirke, kann eine Vielendigkeit (Abb. 30A) entstehen (KURT, 1970; RAESFELD, 2003).



**Abbildung 30:** (A) Vielstängigkeit durch Verletzung des Wachstumsscheitels und (B) Knickbruch mit Notendenbildung (Raesfeld, 2003)

Ist die Baststange bereits verknöchert, führt ein vollständiger Bruch zur Entstehung eines Stummelgehörns. Ein unvollständiger Bruch, bei welchem die Stange noch von der Basthaut festgehalten wird, wird Knickbruch (Abb. 30B) genannt. Verheilte Bruchenden sind an Notenden, also senkrecht nach oben wachsenden Vereckungen erkennbar (KURT, 1970; RAESFELD, 2003).

Durch Prellungen und Quetschungen können Blutergüsse unter dem Bast entstehen. Können Blut und Eiter nicht abfließen, wird eine Knochenkapselbildung hervorgerufen. Aufgrund der so entstehenden deutlich sichtbaren Beulen spricht man hier von einem Blasengehörn (Abb. 31). Werden jedoch Abflusskanäle gebildet, können aufgrund von Gasbildungen im Eiter vulkanartige Krater in den Stangen entstehen (KURT, 1970; HERBST, 2001; RAESFELD, 2003).

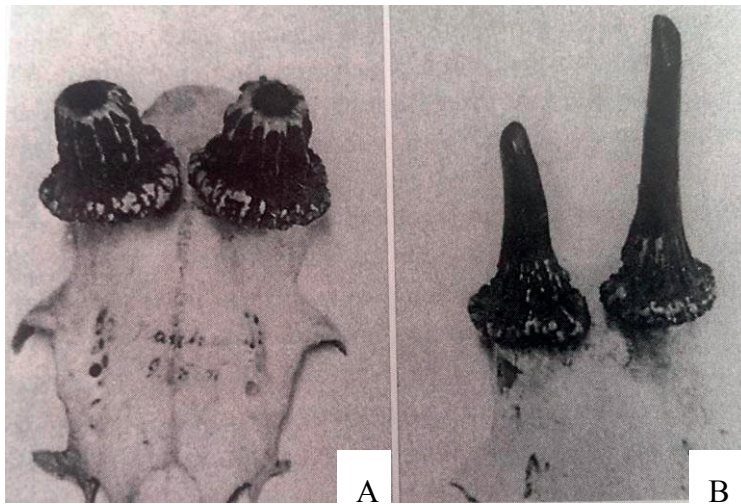


**Abbildung 31:** Blasengehörn (Raesfeld, 2003) – an der Basis der linken Stange hat sich eine große Blase gebildet.

#### **2.4.8.13 Frostgeweih, Hungergehörn**

Weitere Ursachen für Wachstumsstörungen sind Erfrierungen mit damit verbundenem Absterben des Bast- und Knochengewebes (Frostgeweih, Abb. 32A), Hunger (Hungergehörn, Abb. 32B), Verletzungen des Wildkörpers etc. (BUBENIK, 1966; KURT, 1970; PORTMANN, 1970; RAESFELD, 2003; DOMBROWSKI, 2011).





**Abbildung 32:** (A) Frostgeweih – es liegen lediglich Geweihstummel vor und (B) Hungergeweih – es wurden zwei unterschiedlich kurze Spieße gebildet (Raesfeld, 2003)

## 2.5 Populationsgenetik

### 2.5.1 Mikrosatelliten

Mikrosatelliten, auch SSR (simple sequence repeats), STR (short tandem repeats) oder VNTR (variable number of tandem repeats) genannt (TAUTZ, 1989; JACOB et al., 1991; WEBER et al., 1993; FRANKHAM et al., 2004; SELKOE et al., 2006), sind kurze DNA-Sequenzen mit sich wiederholenden Basenabfolgen (SELKOE et al., 2006), welche mit großer Häufigkeit im Genom der meisten Arten gefunden werden (VALDES et al., 1992). Mikrosatelliten bestehen aus Wiederholungseinheiten von 2-6 bp (ASHLEY et al., 1994; TÓTH et al., 2000; FRANKHAM et al., 2004; ZACHOS, 2005; SELKOE et al., 2006; BUSCHIAZZO et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2006; DUTECH et al., 2007).

Je höher die Anzahl der Wiederholungseinheiten ist, desto höher ist die Mutationsrate von Mikrosatelliten (WEBER et al., 1993), eine mögliche Erklärung dafür ist

„DNA-Slippage“. Dabei löst sich bei der Replikation die Polymerase vom Mikrosatelliten, der Doppelstrang trennt sich und die Einzelstränge können sich versetzt anlagern. Falls Reparaturmechanismen den Fehler nicht beheben, kommt es zu einer veränderten Anzahl der Wiederholungseinheiten der Mikrosatelliten (LEVINSON et al., 1987; SCHLÖTTERER et al., 1992, 2000; EISEN, 1999; FRANKHAM et al., 2004; SELKOE et al., 2006). Eine weitere Erklärung für die hohen Mutationsraten ist ein ungleiches „Crossing-Over“ und Genkonversion zwischen zwei nicht kompatiblen Chromosomensträngen (HARDING et al., 1992; LI et al., 2002).

Mikrosatelliten lassen sich in drei Typen einteilen (WEBER, 1990):

1. *perfect repeats* = Mikrosatelliten ohne Sequenzunterbrechung: z.B.  $(GT)_n$
2. *imperfect repeats* = Mikrosatelliten mit Sequenzunterbrechung, z.B.:  
 $(GT)_n * AC * (GT)_m$
3. *compound repeats* = zusammengesetzte Mikrosatelliten, z.B.:  
 $(GT)_n * (TA)_m * (GT)_s$

wobei n, m und s die Anzahl der Wiederholungseinheiten angeben.

Mikrosatelliten befinden sich vor allem in nicht-kodierenden Bereichen der DNA, werden kodominant vererbt und können einen hohen Polymorphiegrad aufweisen. Aufgrund der geringen Amplifikatgrößen (ca. 70 – 300 bp) kann mit Mikrosatelliten auch leicht degradierte DNA, DNA aus Kot-/Haarproben oder, wie in diesem Falle, sehr alte DNA untersucht werden (LITT et al., 1989; STRAND et al., 1993; ASHLEY et al., 1994; DI RIENZO et al., 1994; TABERLET et al., 1999a+b; FRANKHAM et al., 2004).

Nachteile der Mikrosatellitenanalyse sind das mögliche Auftreten von Stotterbanden durch „DNA-Slippage“ (siehe oben) und das gelegentliche Auftreten von Nullallelen. Nullallele sind elektrophoretisch nicht nachweisbare Allele, die durch Mutation an der Primerbindungsstelle entstanden sind. Dadurch können Primer



nicht binden und eine Amplifikation kann nicht stattfinden. Dies führt zu einer vermeintlich höheren Homozygotierate und scheinbaren Abweichung vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (CALLEN et al., 1993; KOOREY et al., 1993; SCHLÖTTERER, 2004; ZACHOS, 2005).

Mikrosatelliten finden ihren Einsatz in der Populationsgenetik, wie beispielsweise bei Migrationsschätzungen, Untersuchungen von Verwandtschaftsgraden von Individuen, Abstammungskontrollen oder auch bei der Erstellung genetischer Karten (WEISSENBAACH et al., 1992; ASHLEY, 1994 et al.; PAETKAU et al., 1995; ZACHOS et al., 2003; SELKOE et al., 2006).

## **2.5.2 Populationsgenetische Parameter**

Die für diese Arbeit wichtigsten Kennzahlen werden im Folgenden beschrieben (FRANKHAM et al., 2004; ZACHOS, 2005; PEAKALL et al., 2006; SELKOE et al., 2006):

### **2.5.2.1 Allelfrequenz**

Für einen Mikrosatellit mit den Allelen A und a errechnet sich die Allelfrequenz p für a folgendermaßen:

$$p = (2N_{aa} + N_{Aa}) / 2N$$

mit

$N_{aa}$  = Anzahl Homozygote für das Allel a

$N_{Aa}$  = Anzahl Heterozygote mit dem Allel a und

N = Anzahl Individuen

Die Allelfrequenz q für A ergibt sich dann aus  $p + q = 1$ , also  $q = 1 - p$ .

### 2.5.2.2 Beobachtete und erwartete Heterozygotie

Die beobachtete Heterozygotie (*observed heterozygosity*  $H_o$ ) beschreibt die experimentell ermittelte Anzahl an Heterozygoten in einer Population bezogen auf die Populationsgröße  $N$ :

$$H_o = \text{Anzahl Heterozygoten} / N$$

Die erwartete Heterozygotie (*expected heterozygosity*  $H_e$ ) berechnet sich aus der Summe der quadrierten Frequenzen  $p_i^2$  der Allele:

$$H_e = 1 - \text{Summe } p_i^2$$

### 2.5.2.3 Fixationsindex

Der Fixationsindex  $F$ , auch Inzucht-Koeffizient oder  $F$ -Wert genannt, vergleicht den Anteil der experimentell ermittelten Heterozygoten ( $H_o$ ) in einer Population mit dem Anteil der aus den Allelfrequenzen berechneten Heterozygoten ( $H_e$ ).

$$F = 1 - (H_o / H_e) = (H_e - H_o) / H_e$$

Positive  $F$ -Werte, die sich signifikant von Null unterscheiden, stehen für Inzucht oder scheinbar hohe Homozygotie durch Nullallele.

$F$ -Werte, die sich nicht signifikant von Null unterscheiden, stehen für zufällige Paarung nichtverwandter Tiere (Panmixie).

Negative  $F$ -Werte, die sich signifikant von Null unterscheiden, stehen für ein Übermaß an Heterozygoten, z.B. durch Selektion oder durch Migration.

Beim Vergleich mehrerer Populationen oder Subpopulationen werden drei verschiedene  $F$ -Werte ( $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  und  $F_{ST}$ ) unterschieden (nach NEI, 1973, WRIGHT, 1978 und PEAKALL et al., 2006). Die Indizes  $I$ ,  $S$  und  $T$  stehen für Individuum,

Subpopulation und Total(Gesamt)population. Die  $F_{IS}$ - und  $F_{IT}$ -Werte geben den Inzuchtkoeffizienten innerhalb von Individuen relativ zur Sub- oder Totalpopulation an. Der  $F_{ST}$ -Wert beschreibt den Inzuchtkoeffizienten innerhalb der Subpopulation relativ zur Gesamtpopulation. Alle F-Werte werden aus der beobachteten Heterozygotität gemittelt über alle Subpopulationen (Mittelwert  $H_o$ ), der erwarteten Heterozygotität gemittelt über alle Subpopulationen (Mittelwert  $H_e$ ) und der erwarteten Heterozygotität der Gesamtpopulation ( $H_t$ ) berechnet (nach NEI, 1973, WRIGHT, 1978 und PEAKALL et al., 2006):

$$F_{IS} = (Mittelwert H_e - Mittelwert H_o) / Mittelwert H_e$$

Bedeutung des  $F_{IS}$ -Wertes:

- Korrelationen von Allelen innerhalb von Subpopulationen,
- Maß für Inzucht in einer einzelnen Subpopulation

$$F_{IT} = (H_t - Mittelwert H_o) / H_t$$

Bedeutung des  $F_{IT}$ -Wertes:

- Korrelationen von Allelen innerhalb der Gesamtpopulation,
- Maß für Inzucht in Gesamtpopulation

$$F_{ST} = (H_t - Mittelwert H_e) / H_t$$

Bedeutung des  $F_{ST}$ -Wertes:

- Korrelationen von Allelen zwischen Subpopulationen,
- Maß für Differenzierung in Gesamtpopulation,
- genetische Varianz zwischen Subpopulationen,

- Schätzung Anzahl abwandernder Individuen pro Generation,
- Indirekte Schätzung des Genflusses zwischen Populationen

Wenn  $F_{IS} = F_{IT} = F_{ST} = 0$  ist, dann liegt in der gesamten Population Panmixie vor und die einzelnen Subpopulationen sind genetisch nicht differenzierbar (WRIGHT, 1978).

Im Gegensatz zu  $F_{IS}$  und  $F_{IT}$  kann  $F_{ST}$  nur positive Werte bis 1 annehmen.  $F_{IS}$  und  $F_{IT}$  können dagegen auch Werte bis -1 aufweisen.

Paarung eng verwandter Tiere führt zu einer Inzuchtdepression. Dabei kommt es zu einem Verlust an Heterozygotie, verminderter Reproduktion und erhöhter Sterblichkeit. Durch die erhöhte Homozygotie werden vermehrt schädliche rezessive Allele an die Nachkommen weitergegeben.

Des Weiteren lassen sich aus dem  $F_{ST}$  –Wert die pro Generation migrierenden Individuen ( $N_e m$ ) abschätzen.

Dabei gilt im Inselmodell nach WRIGHT (1951):

$$F_{ST} = 1 / 4 * N_e m + 1 \quad \text{bzw.} \quad N_e m = [(1 / F_{ST}) - 1] / 4$$

$N_e$  = effektive Populationsgröße (Durchschnitt Inzuchtsteigerung / Generation einer Population)

$m$  = Genflussrate

#### **2.5.2.4 Hardy-Weinberg-Equilibrium (HWE)**

In einer großen Population mit Zufallspaarung erreichen Allel- und Genotyp-Frequenzen das Gleichgewicht nach einer Generation, wenn keine störenden Kräfte wie Mutation, Migration, Selektion oder genetische Drift vorliegen. Mittels des

Chi-Quadrat-Tests kann man reale Populationen überprüfen, ob sie sich im HWE befinden. Abweichungen weisen auf mögliche Inzucht, Populationsfragmentierung, Artefakte, Migration oder Selektion hin.

Dabei gilt:

Verteilung zweier Allele mit der relativen Häufigkeit  $p$  und  $q$  ( $p+q=1$ ) in der Tochtergeneration:

$$p^2 + 2pq + q^2$$

## **2.6 Populationsgenetische Untersuchungen an Rehen**

ZACHOS (2005) untersuchte in seiner Studie 105 Rehe verschiedenen Geschlechts, ab einem Alter von über 24 Monaten. Die Tiere stammten aus fünf Populationen in Schleswig-Holstein. Drei befanden sich auf dem Festland in Nordfriesland, Schleswig und Rantzau und zwei auf den Inseln Fehmarn und Föhr.

Der Rehbestand auf Fehmarn hat seinen Ursprung in acht vitalen Rehen, welche 1935 von Jägern eingeführt worden sind und von der dänischen Insel Seeland stammten. Trotz des kleinen Bestands zeichneten sich die Tiere durch eine hohe Fitness aus (NIETHAMMER, 1963).

Beim Experiment auf Föhr sollte der relative Einfluss von genetischer Veranlagung und Umweltbedingungen abgeschätzt werden. Dazu wurde ein Bestand vitaler Rehe auf Norderney verbracht, welches eher ein ungünstiges Habitat darstellt und ein weiterer Bestand Rehe von geringerer Fitness wurde auf der Insel Föhr, welche eher ein günstiges Habitat darstellt, angesiedelt. Der Bestand auf Norderney ging bald zugrunde. Die Gründerpopulation auf Föhr bestand aus drei Tieren und wurde 1958/59 mit zehn weiteren Tieren aus Dänemark aufgestockt. Im

Jahr 1979 kamen erneut fünf Rehe aus Dänemark dazu. Die jagdliche Qualität, i.e. die körperliche Kondition pendelte sich trotz Isolation und Inzucht auf ein überdurchschnittliches Niveau ein (NIETHAMMER, 1963, RIECK, 1955).

Untersucht wurden Gewebe aus Leber, Herz und Niere, mit dem Ziel, Beziehungen zwischen fluktuierender Asymmetrie, also zufälligen Abweichungen von der Rechts-Links-Symmetrie bilateralsymmetrischer Organismen und genetischer Variabilität aufzudecken. Insgesamt wurden acht Mikrosatelliten verwendet. In allen Populationen lagen signifikante Unterschiede zwischen erwarteter und beobachteter Heterozygotie für einzelne Loci vor. Somit wichen die Populationen vom Hardy-Weinberg-Gleichgewicht (HWE) ab. Die Festlandpopulationen wiesen bezüglich der erwarteten Heterozygotie  $H_e$  und Allelic richness  $A_r$  Werte auf als die Inselpopulationen. Jedoch war der Inzuchtkoeffizient  $F_{IS}$  in der Festlandgruppe niedriger als in der Inselgruppe, wenn auch der Unterschied nicht signifikant war ( $p > 0,198$ ).

Die erwartete Heterozygotie  $H_e$  schwankte in der Studie zwischen 0,74 und 0,79 (im Mittel 0,76). Im Vergleich zu anderen Studien sind diese Populationen somit genetisch variabler. Denn beispielsweise von WANG und SCHREIBER untersuchte Populationen aus Horst und Ahrensböök wiesen lediglich Werte von 0,54 bzw. 0,50 auf. Weitere von WANG untersuchte Populationen hatten Werte von 0,33-0,66 (WANG et al., 2001). Italienische Populationen wiesen  $H_e$ -Werte zwischen 0,17 und 0,58 und somit eine geringe Variabilität auf (LORENZINI et al., 2002). Der Autor äußert die Vermutung, dass die auffallend häufig beobachteten Abweichungen vom HWE auf die geringe Größe der Populationen zurückgeführt werden könnte.

In einer weiteren Studie um ZACHOS (2007) wurde das Lebergewebe von 59 Rehen aus vier Populationen untersucht. Auch hier stammten die Populationen von den Inseln Fehmarn und Föhr und vom Festland (Nordfriesland und Rantzau). Das Ziel in dieser Studie war, einen Eindruck der genetischen Variabilität und

Differenzierung zu vermitteln und die Populationen auf Föhr und Fehmarn genetisch zu charakterisieren.

Hierbei wurden die gleichen acht Mikrosatelliten wie 2005 verwendet. An den Loci wurden 8-17 Allele gefunden. Die Allelic Richness  $A_r$  betrug im Mittel 5,0. Die erwartete Heterozygotie  $H_e$  schwankte zwischen 0,78 und 0,86 (durchschnittlich 0,82), die beobachtete Heterozygotie  $H_o$  wies Werte zwischen 0,55 und 0,64 auf (im Mittel 0,60). Erwartungsgemäß wiesen die Festlandpopulationen eine höhere genetische Variabilität auf als die Inselpopulationen. Jedoch zeigte die Population auf Fehmarn eine verhältnismäßig unerwartet hohe Variabilität. In allen Populationen traten bei einzelnen Loci signifikante Abweichungen vom HWE auf. Der Inzuchtkoeffizient  $F_{ST}$  betrug im Mittel 0,059. Das heißt, nur 6% der Gesamtvariation bestand aus Unterschieden zwischen den Populationen. Im Vergleich dazu betrug der F-Wert in Studien von LORENZINI et al. (2002, 2003) 14-15%.

Abweichungen vom HWE lassen sich auf ein Heterozygotendefizit zurückführen. Gründe dafür können Nullallele, geringe Populationsgrößen, Gründereffekt, Inzucht oder der Wahlund-Effekt sein (WAHLUND, 1928). Ein Wahlund-Effekt liegt beispielsweise vor, wenn durch territoriales Verhalten der Rehe Subpopulationen in einer Population entstehen und dies zu einer relativ hohen Inzucht und somit einem Heterozygotenmangel führt.

Auf Föhr fand innerhalb kurzer Zeit eine Zunahme der jagdlichen Qualität, gemessen an Gewicht und Geweiheigenschaften der Rehe statt. Das heißt, Körpergewicht und Geweih reagierten sensibel auf äußere Einflüsse, die sich auf der Insel Föhr aufgrund der guten Lebensbedingungen günstig auf diese Merkmale auswirkten. Trotzdem findet gerade in isolierten und kleinen Beständen über die Zeit eine genetische Verarmung bis hin zur Inzucht statt (ZACHOS et al., 2007).

BAKER und HOELZEL untersuchten 2012, inwieweit menschliche Eingriffe in Populationsgröße und –verteilung die genetische Vielfalt des Rehs beeinflussen. Dazu wurden unter anderem einheimische und eingeführte Populationen miteinander gekreuzt. Untersucht wurden Gewebeproben von 367 Rehen beiderlei Geschlechts aus 13 Populationen in Großbritannien.

Insgesamt wurden 16 Mikrosatelliten eingesetzt. Im Mittel lagen 10 Allele pro Locus vor. Die Allelic richness  $A_r$  schwankte zwischen 3,21-5,03 (durchschnittlich 3,94). Die erwartete Heterozygotität  $H_e$  wies Werte zwischen 0,59 und 0,76 (durchschnittlich 0,65) auf. Bei der beobachteten Heterozygotität  $H_o$  lagen Werte zwischen 0,49 und 0,74 (durchschnittlich 0,62) vor. Der Inzuchtkoeffizient  $F_{IS}$  betrug im Mittel 0,032 und ist somit als niedrig zu erachten. Damit lag insgesamt eine moderate genetische Variabilität vor, welche von Nord nach Süd abnahm. Dies erklären die Autoren damit, dass die Rehpopulationen im Süden Großbritanniens größtenteils ausgerottet worden waren und der Bestand dort somit auf einer kleineren Gründerpopulation beruht.

In einer Studie von KAMIENIARZ und Kollegen (2011) wurden 105 Rehe beiderlei Geschlechts aus drei polnischen Populationen untersucht. Dabei wurden Blutproben herangezogen. Das Ziel dieser Studie war es, genetische Unterschiede innerhalb und zwischen den Subpopulationen der Rehe einzuschätzen. Die herangezogenen Subpopulationen entstanden beispielsweise durch Isolation aufgrund von eingezäunten Autobahn-Abschnitten. Insgesamt wurden acht Mikrosatelliten eingesetzt. Es lagen an den Loci 3-10 Allele vor. Die beobachtete Heterozygotität bewegte sich mit Werten über 0,5 auf einem moderaten Niveau. Abweichungen vom HWE fanden auf Populationsebene nicht statt. Die Autoren konnten festhalten, dass trotz geografischer Distanzen und natürlicher Barrieren ein Genfluss vorlag.

HEPENSTRICK und andere (2012) untersuchten den Einfluss von Barrieren aus linearen Landschaftselementen auf den Genfluss. So wurden Vergleiche zwischen



Populationen an eingezäunten Autobahnabschnitten, offenen Gleisabschnitten und dem Fluss Aare gezogen. Zweck der Studie war es, Wildtierpassagen und nachfolgende Wirkungskontrollen zu optimieren.

Es wurden Ohrgewebe von 176 Rehen unterschiedlichen Alters und Geschlechts untersucht. Dabei wurden zwölf Mikrosatelliten eingesetzt. Die Allelzahl reichte von 2-10, der durchschnittliche Wert der erwarteten Heterozygotie betrug 0,515. Es lagen in der Studie weder Hinweise auf Inzucht, noch auf signifikante Abweichungen vom HWE vor. Die Autoren stellten fest, dass die Populationen auf beiden Seiten der Autobahnbereiche genetisch differierten. Jedoch lag kein Heterozygotenmangel und somit keine Inzucht vor. Selbst bei Inzucht würde es jedoch lange dauern, bis Fitness-relevante Effekte auftreten. In einer Studie von KUEHN (2007) wurden ebenfalls signifikante genetische Differenzen in Rehen entlang zweier Seiten einer eingezäunten Autobahn entdeckt.

Freiliegende Gleise und der Fluss Aare stellten für die Rehe keine Barriere dar.

ROYO erforschte 2006 mit Kollegen die genetischen Unterschiede in Rehpopulationen zwischen Nordwest- und Zentralsüd-Spanien. Das Ziel war, das Wissen über die Reh-Phylogenie zu erweitern. Es wurde Muskel- und Hautgewebe von 109 Tieren aus 9 spanischen Populationen untersucht. Dabei wurden zehn Mikrosatelliten eingesetzt. Insgesamt lagen 4-20 Allele vor. Die beobachtete Heterozygotität schwankte zwischen 0,50 und 0,898 (im Mittel 0,749) und der Inzuchtkoeffizient wies Werte zwischen -0,024 und 0,098 (durchschnittlich 0,0254) auf.

## **3 Material und Methoden**

### **3.1 Material**

#### **3.1.1 Geräte**

- Bohrmaschine „SB 350-2“, Bosch, Gerlingen
- DNA-Sequenzierautomat „DNA Analyzer Gene Reader 4200“, LI-COR Biosciences GmbH, Bad Homburg
- Kugelmühle „MM 300“, Retsch, Haan
- Laborwaage „Scout II“, Ohaus, Nänikon, Schweiz
- SpectroFotometer „NanoDrop 2000 C“, peqlab, Erlangen
- Thermocycler „T-Gradient“ Whatman Biometra, Göttingen
- Thermomixer „MKR 13“, HLC BioTech, Bovenden (heute: DITABIS, Pforzheim)
- Vortexer „Vortex-Genie 2“, Scientic Industries, Bohemia, New York
- Wasserbad „WB14“, Memmert, Schwabach
- Zentrifuge „Labofuge 400“, Heraeus Function Line, Hanau

#### **3.1.2 Chemikalien**

- Acrylamidlösung (Long Ranger Gel Solution), Fa. Biozym, Hamburg
- APS (Ammoniumperoxodisulfat), Roth, Karlsruhe
- Borsäure, Roth, Karlsruhe
- dNTPs, Roth, Karlsruhe
- EDTA, Roth, Karlsruhe
- Ethanol 99,8%, Roth, Karlsruhe
- Formamid, deionisiert, Roth, Karlsruhe
- Fuchsin, AppliChem GmbH, Darmstadt
- Harnstoff, Roth, Karlsruhe
- Isopropanol, Roth, Karlsruhe

- Micro-90 cleaning solution, Sigma-Aldrich, Hamburg (Waschlotion für Glasplatten)
- Natronlauge, Roth, Karlsruhe
- pBluescript II KS +(Vektor- DNA), Stratagene, Waldbronn
- Primer, Biomers GmbH, Ulm (Längenstandardprimer)
- Primer, metabion international AG, Martinsried
- TEMED p.a., Roth, Karlsruhe
- Tris, Roth, Karlsruhe

### **3.1.3 Lösungen und Puffer**

- 1 x TE-Puffer:
- 10 mM Tris
- 1 mM EDTA
  
- 1 x TBE-Puffer:
- 100 mM Tris
- 100 mM Borsäure
- 2 mM EDTA
  
- 10 x TBE-Puffer:
- 1000 mM Tris
- 1000 mM Borsäure
- 20 mM EDTA
  
- Auftragspuffer (für die Agarose-Gelelektrophorese):
- 0,3% Orange G
- 25% Saccharose

- Licor-Auftragspuffer (Stammlösung):
  - 12,5 ml Formamid
  - 0,5 ml 0,5 M EDTA-Lösung
  - 6 mg/ml Fuchsin
- 
- Licor-Auftragspuffer (Gebrauchslösung):
  - 14,4 ml Formamid
  - 600 µl 0,5 M EDTA-Lösung
  - 1 ml Licor-Auftragspuffer-Stammlösung

#### **3.1.4 Kits**

- „INSTANT Virus RNA Kit“, analytik jena, Jena
- „Multiplex PCR-Kit“ (Mastermix), Qiagen, Hilden

#### **3.1.5 Probenmaterial**

Die Probenentnahme fand in der Rehsammlung des königlichen Schlosses in Berchtesgaden statt. Die Vorauswahl der Proben wurde von Dr. Volmer, Arbeitskreis Wildbiologie der Justus-Liebig-Universität Gießen durchgeführt und in Form eines Rehkatalogs (Tab. 1) protokolliert.

**Tabelle 1:** Rehkatalog der Abwurfstangen und Schädel, die als Probenmaterial für diese Arbeit dienen.

Serie <sup>1</sup>	Vitrine	Katalog-nummer	Sonstige Angaben im Rehkatalog	Revier	Objekt
1	3	100	75D18	Dürradmer	Abwurfstange
		101	72GR9	Greith-Lochbach	Abwurfstange
		102	69GR14	Greith-Lochbach	Abwurfstange
		103	78 D51	Dürradmer	Abwurfstange
		104	78D22	Dürradmer	Abwurfstange
		105	76R19	Rothmoos	Abwurfstange
		106	74D37	Dürradmer	Abwurfstange
		107	74D1	Dürradmer	Abwurfstange
		108	76R29	Rothmoos	Abwurfstange
		109	77A73	Rotwald	Abwurfstange
2	18	110-1b	Serie 39, Bockschädel 50	Rothmoos	Abwurfstange
		110-2a		Rothmoos	Abwurfstange
		110-2b		Rothmoos	Abwurfstange
		110-3a		Rothmoos	Abwurfstange
		110-3b		Rothmoos	Abwurfstange
		110-4a		Rothmoos	Abwurfstange
		110-4b		Rothmoos	Abwurfstange
		110-5a		Rothmoos	Abwurfstange
		110-5b		Rothmoos	Abwurfstange
		110-6		Rothmoos	Schädel
3	23	111-1a	Serie 236, Bock 685	Greith-Lochbach	Abwurfstange
		111-2a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		111-3a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		111-4a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		111-5a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		111-6a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		111-7a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		111-8		Greith-Lochbach	Schädel <sup>2</sup>
4	25	112-1b	Serie 341, Bock 687	Greith-Lochbach	Abwurfstange
		112-2b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		112-3b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		112-4b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		112-5b		Greith-Lochbach	Abwurfstange

		112-6		Greith-Lochbach	Schädel <sup>2</sup>
5	26	113-1b	Serie 19, Bock 241	Rothmoos	Abwurfstange
		113-2b		Rothmoos	Abwurfstange
		113-3b		Rothmoos	Abwurfstange
		113-4b		Rothmoos	Abwurfstange
		113-5b		Rothmoos	Abwurfstange
		113-6		Rothmoos	Schädel <sup>2</sup>
6	27	114-1b	Serie 76, Bock 5299	Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-2a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-3a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-3b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-4a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-4b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-5a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-6b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-7a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-7b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-8b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-9a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-10a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-10b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		114-11		Greith-Lochbach	Schädel
7	41	115-1a		Dürradmer	Abwurfstange
		115-1b		Dürradmer	Abwurfstange
		115-2a		Dürradmer	Abwurfstange
		115-2b		Dürradmer	Abwurfstange
		115-3a		Dürradmer	Abwurfstange
		115-3b		Dürradmer	Abwurfstange
		115-4a		Dürradmer	Abwurfstange
		115-4b		Dürradmer	Abwurfstange
		115-5a		Dürradmer	Abwurfstange
		115-5b		Dürradmer	Abwurfstange
8	42	116-1b		Rothmoos	Abwurfstange
		116-2b		Rothmoos	Abwurfstange
		116-3b		Rothmoos	Abwurfstange
		116-4b		Rothmoos	Abwurfstange

		116-5b		Rothmoos	Abwurfstange
		116-6b		Rothmoos	Abwurfstange
		116-7b		Rothmoos	Abwurfstange
		116-8b		Rothmoos	Abwurfstange
		116-9b		Rothmoos	Abwurfstange
		116-10b		Rothmoos	Abwurfstange
9	43	117-1a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		117-2a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		117-3a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		117-4a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		117-5a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		117-6a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		117-7a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		117-8a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		117-9a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
10	44	118-1a		Rotwald	Abwurfstange
		118-2b		Rotwald	Abwurfstange
		118-3a		Rotwald	Abwurfstange
		118-4a		Rotwald	Abwurfstange
		118-5a		Rotwald	Abwurfstange
		118-6a		Rotwald	Abwurfstange
		118-7a		Rotwald	Abwurfstange
		118-8a		Rotwald	Abwurfstange
		118-9a		Rotwald	Abwurfstange
		118-10a		Rotwald	Abwurfstange
11	Wand-	119-1	Schädel 319	Dürradmer	Abwurfstange
		119-2		Dürradmer	Abwurfstange
		119-3		Dürradmer	Abwurfstange
		119-4		Dürradmer	Abwurfstange
		119-5		Dürradmer	Abwurfstange
		119-6		Dürradmer	Abwurfstange
		119-7		Dürradmer	Schädel
12	Wand-	120-1	Schädel 592	Dürradmer	Abwurfstange
		120-2		Dürradmer	Abwurfstange
		120-3		Dürradmer	Abwurfstange
		120-4		Dürradmer	Abwurfstange

		120-5		Dürradmer	Abwurfstange
		120-6		Dürradmer	Schädel <sup>2</sup>
13	Wand-	121-1	Schädel 918	Greith-Lochbach	Abwurfstange
		121-2		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		121-3		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		121-4		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		121-5		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		121-6		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		121-7		Greith-Lochbach	Abwurfstange
				Greith-Lochbach	Schädel <sup>2</sup>
14	Wand-	122-1	Schädel 550	Rothmoos	Abwurfstange
		122-2		Rothmoos	Abwurfstange
		122-3		Rothmoos	Abwurfstange
		122-4		Rothmoos	Schädel <sup>2</sup>
15	Wand-	123-1	Schädel 551	Rothmoos	Abwurfstange
		123-2		Rothmoos	Abwurfstange
		123-3		Rothmoos	Abwurfstange
		123-4		Rothmoos	Abwurfstange
		123-5		Rothmoos	Abwurfstange
		123-6		Rothmoos	Abwurfstange
				Rothmoos	Schädel <sup>2</sup>
16	Wand-	124-1	Schädel 895	Rothmoos	Abwurfstange
		124-2		Rothmoos	Abwurfstange
		124-3		Rothmoos	Abwurfstange
		124-4		Rothmoos	Abwurfstange
		124-5		Rothmoos	Abwurfstange
		124-6		Rothmoos	Abwurfstange
		124-7		Rothmoos	Abwurfstange
				Rothmoos	Schädel <sup>2</sup>
17	39	125-1a	Bock 673	Dürradmer	Abwurfstange
		125-2a		Dürradmer	Abwurfstange
		125-3a		Dürradmer	Abwurfstange
18	30	126-1a	Bock 248	Dürradmer	Abwurfstange
		126-1b		Dürradmer	Abwurfstange
		126-2a		Dürradmer	Abwurfstange
19	22	127-1a	Serie 79, Bock324	Greith-Lochbach	Abwurfstange
		127-1b		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		127-2a		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		127-2b		Greith-Lochbach	Abwurfstange

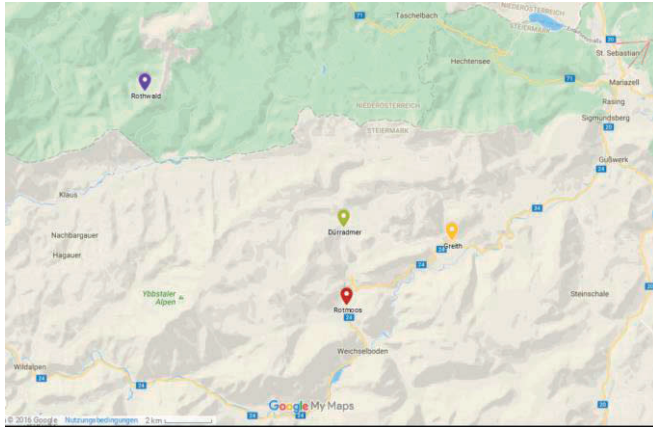


20	Wand-	127-3b	Schädel 597	Greith-Lochbach	Abwurfstange
		127-4		Greith-Lochbach	Schädel <sup>2</sup>
		128-1		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		128-2		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		128-3		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		128-4		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		128-5		Greith-Lochbach	Abwurfstange
		128-6		Greith-Lochbach	Schädel <sup>2</sup>

<sup>1</sup>die Nummer der Serie ist nicht Bestandteil des Rehkatalogs und wurde von uns vergeben

<sup>2</sup>die Schädel tragen eine bzw. zwei Stangen

Innerhalb von zwei Tagen wurden 149 Proben von 136 Stangen und 13 Schädeln genommen, die aus 20 Serien stammten (Tab. 1). Eine Serie bestand aus Stangen von einem Tier, die über die Jahre gesammelt wurden und in 13 Fällen zusätzlich dem Schädel des Tieres. Die Anzahl variierte von drei bis 14 Abwurfstangen pro Serie. Die Stangen und Schädel wurden über einen Zeitraum von 26 Jahren (1966 bis 1992) vom Herzog von Bayern zusammengetragen und stammten aus den Regionen Dürradmer (n=34), Greith-Lochbach (n=59) und Rotmoos (n=45), die sich im österreichischen Bundesland Steiermark befinden und Rothwald (n=11), welches in Niederösterreich liegt (Abb. 33).



**Abbildung 33:** Übersichtskarte mit den Regionen Dürradmer, Greith-Lochbach, Rotmoos (alle Steiermark, Österreich) und Rothwald (Niederösterreich), aus denen die in dieser Arbeit untersuchten Proben stammen.

## 3.2 Methoden

### 3.2.1 Gewinnung des Probenmaterials

Die Proben wurden an der Bruchfläche (Petschaft) der Abwurfstangen bzw. am Oberkiefer (Maxilla) der Schädel entnommen. Dazu wurde mit einem Bohrer (BOSCH, SB 350-2, 6 mm) die entsprechende Stelle angebohrt, um eventuelle Verunreinigungen an der Oberfläche zu entfernen. Anschließend wurde der Bohrer mit einer Drahtbürste gereinigt. Der Bohrer wurde dann wieder an das vorgebohrte Loch angesetzt und die beim Bohren anfallenden Knochenspäne in einem Aluschiffchen aufgefangen und in beschriftete 15 ml Röhrchen überführt. Die Probenröhrchen wurden zusammen mit Trockenbeuteln in einer dicht verschlossenen Plastiktüte bei Zimmertemperatur aufbewahrt.

### **3.2.2 DNA-Extraktion aus Knochenspänen**

Die DNA-Extraktion wurde mit dem INSTANT Virus RNA Kit (Fa. analytik jena) durchgeführt, welches verglichen mit einem speziell für die DNA-Extraktion aus Knochen vorgesehenem Kit wesentlich effizienter war.

#### **3.2.2.1 Lysieren der Probe**

Aus den 15 ml Probenröhrchen wurden Knochenspäne in ein 2 ml Eppendorfgefäß überführt, bis dieses halb voll war. Anschließend wurde eine 5 mm Stahlkugel zugegeben und die Knochenspäne bei einer Schüttelfrequenz von 25 Hz für 2 min in der Kugelmühle zerkleinert.

Nach Entfernen der Stahlkugel wurden zu dem Knochenmehl 600 µl *Lysis Solution* RL gegeben, gut gemischt und für 30 Minuten bei 23°C auf einen Thermomix bei einer Schüttelfrequenz von 1000/min inkubiert.

Nach der Inkubation wurden die Proben für 3 min bei 16.000 x g zentrifugiert und der Überstand in ein neues 1,5 ml Eppendorfgefäß umpipettiert.

#### **3.2.2.2 Binden der DNA an die Zentrifugationssäule**

Zu dem Überstand wurde das gleiche Volumen an *Binding Solution* RBS pipettiert, gut gemischt und auf eine Zentrifugationssäule, die sich in einem Auffanggefäß befand, geladen. Die Zentrifugationssäule wurde für eine Minute bei 12.000 x g zentrifugiert und anschließend in ein neues Auffanggefäß gesetzt.

#### **3.2.2.3 Waschen der gebundenen DNA**

Zum Waschen der membrangebundenen DNA wurden 500µl *Washing Solution* HS auf die Zentrifugationssäule gegeben und bei 12.000 x g für eine Minute zentrifugiert. Für den zweiten Waschschriff wurde die Zentrifugationssäule in ein neues Auffanggefäß gesetzt, 500 µl *Washing Solution* LS auf die Säule pipettiert und

bei 16.000 x g für 3 min zentrifugiert. Die Zentrifugationssäule wurde dann in ein 1,5 ml Eppendorfgefäß gesetzt.

#### **3.2.2.4 Eluieren der DNA**

Zum Ablösen der membrangebundenen DNA wurden 60 µl RNase-freies Wasser auf die Zentrifugationssäule pipettiert und für fünf Minuten bei Raumtemperatur stehen gelassen. Im letzten Schritt wurde die Säule bei 6.000 x g zentrifugiert und die Konzentration der eluierten DNA Fotometrisch gemessen.

#### **3.2.3 Messen der DNA-Konzentration am Photometer**

Die DNA-Konzentration wurde Fotometrisch am Spectrometer NanoDrop 2000 bei 260 nm gemessen und die Reinheit der DNA aus dem Quotienten der Absorption bei 260 und 280 nm berechnet. Dieser Wert sollte zwischen 1,5 und 2,0 liegen. Für die Mikrosatellitenanalyse wurde die DNA falls erforderlich mit 1 x TE auf eine Konzentration von 25 ng/µl verdünnt. Bis zur weiteren Verwendung wurde die DNA bei -20°C gelagert.

#### **3.2.4 Überprüfung der DNA-Qualität**

Die Qualität der extrahierten DNA wurde mittels Agarose-Gelelektrophorese überprüft. Dazu wurde jeweils die gleiche Menge an Proben-DNA mit 1 µl Auftragspuffer versetzt und auf ein 1,5%iges mit Midori Green Advance gefärbtes Agarosegel aufgetragen. Die Elektrophorese wurde für 20 min bei 125 V durchgeführt, das Gel unter UV-Licht fotografiert und als digitales Bild gespeichert.

#### **3.2.5 Genotypisierung**

Die aus den Stangen und Schädeln extrahierte DNA wurde mit sieben Mikrosatelliten (Tab. 2) in zwei Multiplex-PCRs amplifiziert (Multiplex 1: CSPA115, ETH225, NVHRT48, T172, IDVGA59; Multiplex 2: NVHRT21 und NVHRT73).

**Tabelle 2:** Primersequenzen der verwendeten Mikrosatelliten. Alle Forward-Primer sind mit dem Farbstoff IRD800 markiert

<b>Mikrosatellit</b>	<b>Forward-Primer (5'-3')</b>	<b>Reverse-Primer (5'-3')</b>
CSPS115	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG	AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG
ETH225	GATCACCTTGCCACTATTCCT	ACATGACAGCCAGCTGCTACT
NVHRT48	CGTGAATCTTAACCAGGTCT	GGTCAGCTTCATTTAGAAAC
T172	TAATACGACTCACTATAGGG	ATTAGGTGACACTATAG
IDVGA59	AAC CCA AAT ATC CAT CAA TAG	CAG TCC CTC AAC CCT CTT TTC
NVHRT21	GCA GCG GAG AGG AAC AAA AG	GGG GAG GAG CAG GGA AAT C
NVHRT73	CTT GCC CAT TTA GTG TTT TCT	TGC GTG TCA TTG AAT AGG AG

Zum Ansetzen der Mikrosatelliten-PCRs wurde das Multiplex PCR-Kit der Firma Qiagen verwendet. Die Zusammensetzung des PCR-Ansatzes ist in Tabelle 3 aufgeführt.

Es wurden zwei Primermixe angesetzt. Der erste Mix bestand aus den Primern CSPS115, ETH 225, NVHRT48, T172 und IDVGA59. Der zweite Mix enthielt die Primer NVHRT21 und NVHRT73.

Die Endkonzentration der Primermixe im PCR-Ansatz betrug für beide Multiplex-PCRs 0,4 µM.

**Tabelle 3:** Zusammensetzung des PCR-Ansatzes für die Mikrosatellitenanalyse

<b>Substanz</b>	<b>Menge [µl]</b>
2xMM (Qiagen Multiplex PCR Master-Mix)	5,0
Primermix	1,0
H <sub>2</sub> O	3,0
DNA (25 ng/µl)	1,0
Gesamtvolumen	10,0

Für die Amplifikation der Mikrosatelliten wurde das in Tabelle 4 aufgeführte Programm verwendet. Die Anzahl der Zyklen richtete sich nach der Qualität (teilweise degradierte oder nicht degradierte DNA) und/oder Konzentration der DNA.

**Tabelle 4:** Programm zur Amplifikation der Mikrosatelliten

Schritt	Temperatur [°C]	Zeit	Aktion	Zyklenzahl
1	95	15 min	Aktivierung der DNA-Polymerase	1x
2	95	30 s	Denaturierung	Variabel (25-35 x)
3	56	90 s	Annealing	
4	72	90 s	Extension	
5	72	10 min	Final Extension	1 x
6	4			

### 3.2.6 Polyacrylamidgelelektrophorese (PAGE)

#### 3.2.6.1 Herstellung eines Größenstandards für die PAGE

Zur Herstellung des Größenstandards für die PAGE wurden Fragmente der Vektor-DNA pBluescript II KS+ amplifiziert. Dabei wurde für alle Größenfragmente immer der gleiche Vorwärtsprimer MS (Tab.5) verwendet, der am 5'-Ende mit dem Fluoreszenzfarbstoff IRD800 markiert war. Die Länge des PCR-Produktes wurde durch die relative Lage der Rückwärtsprimer (MS71 bis MS281; Tab. 5) zum Vorwärtsprimer definiert.

**Tabelle 5:** Primersequenzen abgeleitet von der DNA-Sequenz des Vektors pBluescript II KS+ zur Herstellung eines Größenstandards für die PAGE.

Primer-Bezeichnung	Sequenz [5' - 3']	Annealingtemperatur [°C]
MS	IRD800- GTG TAA AGC CTG GGG TGC	
MS71	GGA AAG CGG GCA GTG AG	55
MS82	GTT TCC CGA CTG GAA AGC	56
MS95	GCT GGC ACG ACA GGT TTC	58
MS104	ATT AAT GCA GCT GGC ACG	57
MS117	CGT TGG CCG ATT CAT TAA	58
MS141	ATA CGC AAA CCG CCT CTC	59
MS164	GCG AGG AAG CGG AAG AG	60
MS180	CGC AGC GAG TCA GTG AGC	61
MS196	CAG CCG AAC GAC CGA G	61
MS225	GCC TTT GAG TGA GCT GAT ACC	62
MS249	GAT TCT GTG GAT AAC CGT ATT ACC	61
MS281	TTG CTC ACA TGT TCT TTC CTG	61

(MS = Vorwärtsprimer; MS71 bis MS281 = Rückwärtsprimer; Angaben der Annealingtemperatur beziehen sich auf die Kombination des Vorwärtsprimers mit dem jeweiligen Rückwärtsprimer; die Zahl im Primernamen gibt die Größe des Fragmentes in Basenpaaren an).

In den Tabellen 6 und 7 ist der PCR-Ansatz zur Herstellung des Größenstandards bzw. das Cyclex-Programm zur Amplifikation der Vektorfragmente aufgeführt. Aufgrund unterschiedlicher Annealingtemperaturen der Rückwärtsprimer (Tab. 5) wurde ein Gradientenprogramm angewendet und die PCR-Ansätze in die entsprechenden Vertiefungen des Gradientencyclers positioniert.

**Tabelle 6:** PCR-Ansatz zur Herstellung eines Größenstandards für die PAGE

Substanz	Menge [μl]
Qiagen Multiplex PCR Master Mix (2xMM)	25
Vorwärtsprimer MS (4μM)	2,5
Rückwärtsprimer (4μM)	2,5
Wasser	15
pBluescript II KS + (1Mio Moleküle/μl)	5
Gesamtvolumen	50

**Tabelle 7:** Cyclex-Programm zur Herstellung eines Größenstandards für die PAGE

Schritt	Temperatur [°C]	Zeit		Zyklenzahl
1	95	15 min	Denaturierung und Taq-Aktivierung	1x
2	95	30 s	Denaturierung	35 x
3	58,5 (Gradient 8,4)	90 s	Annealing	
4	72	30 s	Extension	
5	72	10 min	Final Extension	1 x
6	4		Ende	

### 3.2.6.2 Herstellen eines Polyacrylamidgels (PAA-Gel)

Die Herstellung eines PAA-Gels ist ausführlich im Anhang (Anleitung 1) beschrieben. Im Durchschnitt konnte ein PAA-Gel drei- bis vier Mal wieder verwendet werden.

### 3.2.6.3 Durchführung der PAGE und Auswertung

Die zu analysierenden PCR-Proben wurden 1/8 mit Licor Auftragspuffer verdünnt, 3 min bei 92°C im Wasserbad denaturiert und unmittelbar danach auf Eis abgeschreckt.

Das PAA-Gel wurde vor dem Probenauftrag bei 1500 V für 15 min konditioniert und die auf dem Gel aufliegende Heizplatte auf 50°C vorgewärmt. Anschließend wurden 0,25 µl der verdünnten PCR-Proben und des Größenstandards in die dafür vorgesehenen Geltaschen pipettiert. Die Elektrophorese wurde bei 1500 V für 90 min durchgeführt und die Daten wurden in Form eines Gelbildes direkt an einen Rechner übertragen.

Die Auswertung der PAGE erfolgte halbautomatisch mit dem Programm “GeneImagIR 4.05” (Scanalytics Inc., Fairfax, USA). Die automatische Erkennung der Banden durch das Programm wurde Spur für Spur überprüft und gegebenenfalls nachbearbeitet. Die Allelgrößen wurden aus GeneImagIR in eine Excel-Tabelle exportiert.

### 3.3 Software zur Analyse populationsgenetischer Parameter

Die Berechnung der populationsgenetischen Parameter (Anzahl Allele  $N_a$ , Effektive Anzahl an Allelen  $N_e$ , Fixationsindex  $F$ , beobachtete Heterozygotität  $H_o$ , erwartete Heterozygotität  $H_e$ ) und die *Principal Coordinates Analysis* erfolgte mit dem Excel-Addin GenAlEx 6.5 (<http://www.anu.edu.au/BoZo/GenAlEx/>) (PEAKALL et al., 2006). Abweichungen vom HWE wurden mit dem Programm Cervus 2.0 (<http://www.fieldgenetics.com/pages/home.jsp>) überprüft.



## 4 Ergebnisse

### 4.1 Genetische Überprüfung der Zuordnung der Stangen und Schädel zu einer Serie

Die Genotypisierung der Stangen und Schädel wurde mit insgesamt 7 Mikrosatelliten durchgeführt und resultierte in 54 unterschiedlichen Allelen. Daraus ergibt sich ein Wert für die Wahrscheinlichkeit, dass zwei Tiere den gleichen Genotyp besitzen (*Probability of Identity*) von  $5 \times 10^{-6}$ .

Die Mikrosatellitenanalyse ergab, dass die 149 Proben (136 Stangen und 13 Schädel) von insgesamt 73 verschiedenen Böcken stammen (Greith-Lochbach: n=24, Rotmoos: n=21, Dürradmer: n=17 und Rothwald: n=11).

Auffällig war die hohe Fehlzuordnungsrate der Schädel zu den entsprechenden Abwurfstangen. So stimmten nur sechs Schädel genetisch mit den dazugehörigen Abwurfstangen überein. Berücksichtigt man bei den Serien nur die Abwurfstangen so waren von den 20 untersuchten Serien (Tab. 8) neun (Serien 2, 4, 5, 11, 12, 13, 14, 17 und 20) stimmig. Bei drei Serien (Serien 8, 9 und 10) stammten alle Abwurfstangen von unterschiedlichen Böcken. In den restlichen Serien konnten mehrere Abwurfstangen einem Bock zugeordnet werden aber insgesamt enthielten die Serien Abwurfstangen mehrerer Böcke. Vier Serien (Serien 3, 6, 15 und 18) enthielten Abwurfstangen von jeweils zwei Böcken, zwei Serien (Serien 16 und 19) von drei Böcken und jeweils eine Serie von 5 (Serie 7) und 9 (Serie 1) Böcken.

**Tabelle 8:** Ergebnis der genetischen Überprüfung der Zuordnung der Abwurfstangen und Schädel zu einer Serie. Bei der Angabe der Anzahl der Böcke pro Serie wurden nur die Abwurfstangen berücksichtigt.

Serie	Objekt	Ergebnis
1	10 Einzelstangen	Alle verschieden bis auf 1 Paar → 9 Böcke
2	Schädel + 9 Abwurfstangen	Serie stimmig → 1 Bock
3	Schädel + 7 rechte Abwurfstangen	1 Stange und Schädel anders → 2 Böcke
4	Schädel + 5 linke Abwurfstangen	Serie stimmig → 1 Bock
5	Schädel + 5 linke Abwurfstangen	Serie stimmig → 1 Bock
6	Schädel + 14 Abwurfstangen	Serie bis auf 1 Stange stimmig → 2 Böcke
7	10 Abwurfstangen	5 Paare → 5 Böcke
8	10 Abwurfstangen	Alle verschieden → 10 Böcke
9	9 Abwurfstangen	Alle verschieden → 9 Böcke
10	9 Abwurfstangen	Alle verschieden → 10 Böcke
11	Schädel + 6 Abwurfstangen	Abwurfstangen passen zusammen, Schädel anders → 1 Bock
12	Schädel + 5 Abwurfstangen	Abwurfstangen passen zsm., Schädel anders → 1 Bock
13	Schädel + 6 Abwurfstangen	Abwurfstangen passen zsm., Schädel anders → 1 Bock
14	Schädel + 3 Abwurfstangen	Serie stimmig → 1 Bock
15	Schädel + 5 Abwurfstangen	123-1 bis 123-4 passen zsm., 123-5 und 123-6 (Schädel) anders → 2 Böcke
16	Schädel + 6 Abwurfstangen	124-1, 124-2 und 124-4 passen zsm., 124-3 anders, 124-5 und 124-6 passen zsm., 124-7 (Schädel) anders → 3 Böcke
17	3 Abwurfstangen	Serie stimmig → 1 Bock
18	3 Abwurfstangen	126-1a und 126-1b passen zsm., 126-2a (Schädel) steht allein → 2 Böcke
19	Schädel + 5 Abwurfstangen	127-1a und 127-1b anders, 127-2a, 127-2b und 127-3b passen zsm., 127-4 (Schädel) anders → 3 Böcke
20	Schädel + 5 Abwurfstangen	Serie stimmig → 1 Bock

## 4.2 Populationsgenetische Analyse

### 4.2.1 Populationsgenetische Kennzahlen

Aus der Mikrosatellitenanalyse wurden die in Tabelle 9 dargestellten genetischen Kennzahlen für die Gesamtpopulation berechnet. Der Polymorphiegrad war bei NVHRT48 mit 3 Allelen am geringsten und bei T172 und IDVGA59 mit 13 Allelen am höchsten. Der Wert der effektiven Allelanzahl reichte von 1,265 (NVHRT73) bis 5,731 (IDVGA59). Die größten Abweichungen der erwarteten

von der beobachteten Heterozygotie gab es für die Marker ETH225 und CSPA115 (Tab. 11), was sich in einem hochsignifikanten Abweichen vom HWE (nach Bonferroni-Korrektur) ausdrückte.

**Tabelle 9:** Populationsgenetische Kennzahlen für die Gesamtpopulation

<b>Locus</b>	<b>N</b>	<b>Na</b>	<b>Ne</b>	<b>Ho</b>	<b>He</b>	<b>HWE</b>
NVHRT48	149	3,000	1,771	0,530	0,435	ns
ETH225	149	4,000	3,551	0,456	0,718	***
T172	149	13,000	4,059	0,745	0,754	ns
CSPA115	149	5,000	1,499	0,114	0,333	***
IDVGA59	142	13,000	5,731	0,775	0,826	ns
NVHRT21	149	10,000	4,734	0,765	0,789	ns
NVHRT73	149	6,000	1,265	0,195	0,210	ns
<b>Mittelwert</b>	<b>148,000</b>	<b>7,714</b>	<b>3,230</b>	<b>0,511</b>	<b>0,581</b>	
<b>SE</b>	<b>1,000</b>	<b>1,599</b>	<b>0,660</b>	<b>0,103</b>	<b>0,094</b>	

N = Anzahl genotypisierte Proben

Na = Anzahl der Allele

Ne = effektive Allelzahl =  $1 / (\text{Summe } p_i^2)$

Ho = beobachtete Heterozygotie = Anzahl Heterozygote / N

He = erwartete Heterozygotie =  $1 - \text{Summe } p_i^2$

ns = nicht signifikant, \*  $P < 0.05$ , \*\*  $P < 0.01$ , \*\*\*  $P < 0.001$

SE = Standardfehler (*standard error*)

#### 4.2.2 F-Statistiken

Da bei den Markern ETH225 und CSPA115 eine hochsignifikante Abweichung vom HWE vorlag, wurden diese nicht in die Berechnung der F-Werte (Tab. 10) mit einbezogen.

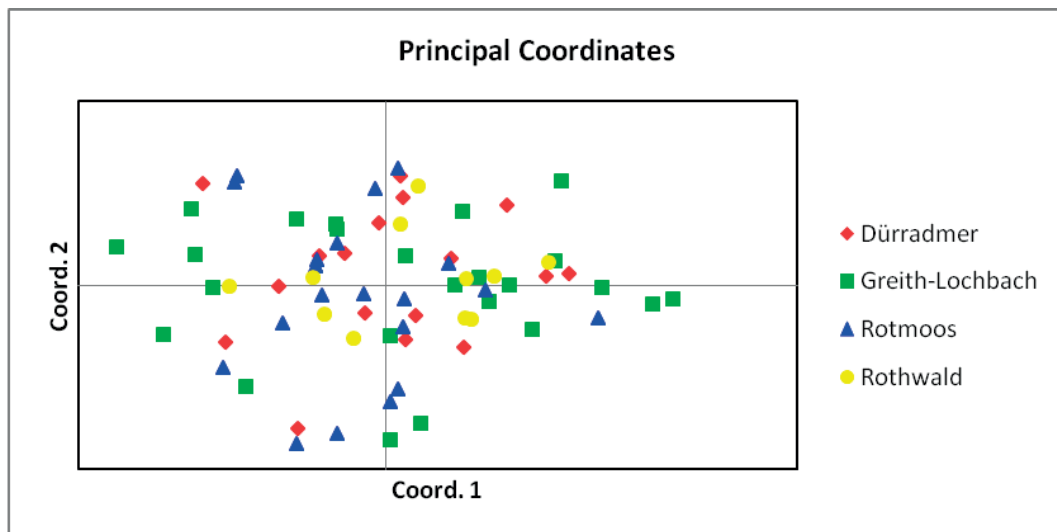
**Tabelle 10:** F-Statistiken für die Gesamtpopulation

Locus	Fis	Fit	Fst
NVHRT48	-0,096	-0,085	0,010
T172	0,062	0,063	0,001
IDVGA59	0,118	0,135	0,019
NVHRT21	0,051	0,053	0,003
NVHRT73	0,160	0,156	-0,005
Mittelwert	0,062	0,069	0,007

Im Vergleich zu dem Anteil der Individuen beträgt der Anteil der Subpopulationen (Fis) lediglich 6,2 % und der Anteil der Gesamtpopulation (Fit) 6,9 % an der genetischen Gesamtvariation. Der Anteil der genetischen Variation zwischen den Subpopulationen Greith-Lochbach, Rotmoos, Dürradmer und Rothwald beträgt nur 0,7 % an der Gesamtvariation, sodass von einer genetisch einheitlichen Gesamtpopulation ausgegangen werden kann.

#### 4.2.3 Principal Component Analysis (PCA)

Als Berechnungsgrundlage für die *Principal Component Analysis* (PCA) diente die paarweise genetische Distanz der Individuen. Die ersten drei Achsen der PCA erklärten insgesamt 62,6 % der genetischen Varianz. In Abbildung 34 sind die ersten beiden Achsen dargestellt. Die vier Einzelpopulationen Dürradmer, Greith-Lochbach, Rotmoos und Rothwald können genetisch nicht voneinander differenziert werden und erscheinen als eine Gesamtpopulation. Damit wird der niedrige Fst-Wert von 0,007 (siehe Kapitel 4.2.2) bestätigt.



**Abbildung 34:** Principal Component Analysis – es ist keine Clusterbildung erkennbar, d.h. die vier Einzelpopulationen sind genetisch nicht differenzierbar.

#### 4.2.4 Populationsgenetische Kennzahlen der Einzelpopulationen

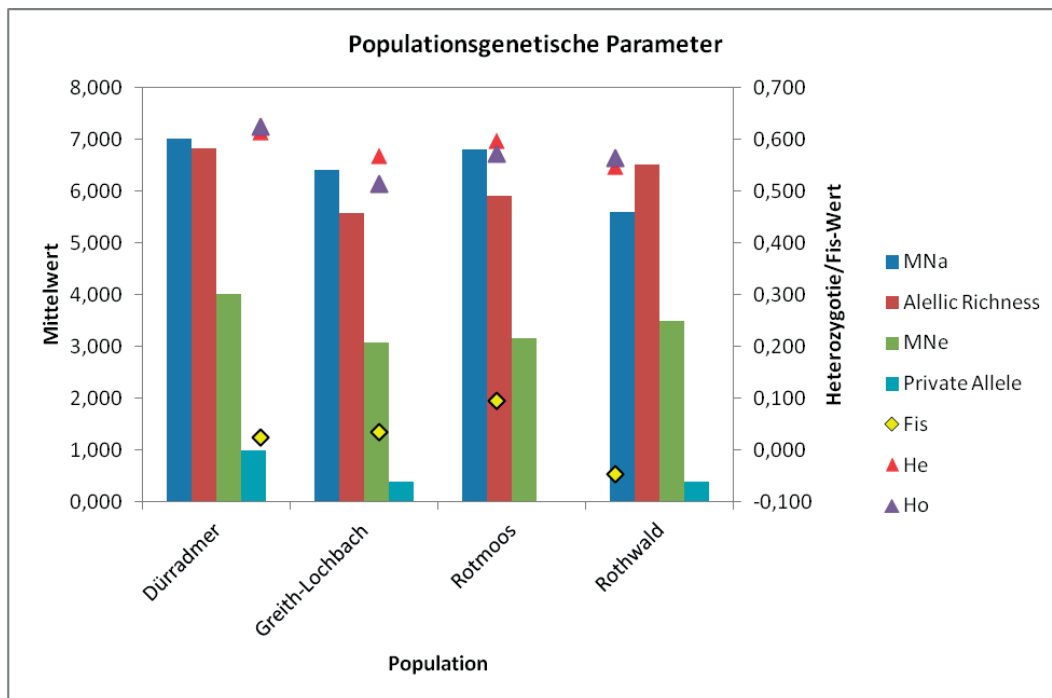
Die populationsgenetischen Kennzahlen der Einzelpopulationen sind in Tabelle 11 und zur besseren Übersicht grafisch in Abbildung 35 dargestellt. Für die einzelnen Kennzahlen gab es zwischen den Einzelpopulationen keine statistisch signifikanten Unterschiede. Das Revier Düreradmer hatte mit einem privaten Allel pro Marker die höchste Anzahl an privaten Allelen, bei fünf Markern also insgesamt fünf private Allele. Bei den Revieren Greith-Lochbach und Rothwald wurden jeweils zwei und im Revier Rotmoos keine privaten Allele gefunden.

**Tabelle 11:** Populationsgenetische Kennzahlen der Einzelpopulationen.

Population	MNa	Ar	MNe	Private Allele	Fis	Ho	He
<b>Dürradmer</b>	7,000	6,819	4,019	1,000	0,025	0,624	0,614
<b>Greith-Lochbach</b>	6,400	5,583	3,079	0,400	0,035	0,514	0,568
<b>Rotmoos</b>	6,800	5,902	3,156	0,000	0,095	0,571	0,596
<b>Rothwald</b>	5,600	6,500	3,489	0,400	-0,047	0,564	0,546

MNa, MNe: mittlere Allelanzahl bzw. mittlere effektive Allelanzahl; Allelic richness Ar: mittlere Allelanzahl unter Berücksichtigung unterschiedlicher Populationsgrößen; Private Allele: Anzahl der Allele pro Marker, die nur in einer Population vorkommen; Fis: F-Wert oder Inzuchtkoeffizient; He: erwartete Heterozygotie; Ho: beobachtete Heterozygotie

Die mittlere Allelanzahl war für das Revier Dürradmer am höchsten und für das Revier Rothwald am niedrigsten. Die *Alleleic Richness* jedoch, die die Allelanzahl unter Berücksichtigung der Populationsgröße angibt, war für das Revier Greith-Lochbach am niedrigsten. Dies zeigt sich auch in der mittleren effektiven Allelanzahl und den Werten der beobachteten Heterozygotie Ho. Beim Inzuchtkoeffizienten Fis fällt der negative Wert für das Revier Rothwald auf, was im Gegensatz zu den anderen Revieren für einen Heterozygotenüberschuss spricht.



**Abbildung 35:** Grafische Darstellung der populationsgenetische Kennzahlen aus Tab. 11 der vier Einzelpopulationen Dürradmer, Greith-Lochbach, Rotmoos und Rothwald. Zur Bedeutung der Abkürzungen siehe Tabelle 11. Für die Werte der Heterozygotie (He und Ho) und des Fis-Wertes gilt die rechte Ordinate, für alle anderen Kennzahlen die linke Ordinate.

### 4.3 Überprüfung der Hypothesen des Herzogs Albrecht von Bayern

Von den Stangen wurden der Phäno- und Genotyp miteinander verglichen. In den folgenden Abbildungen werden die Serien 1 bis 10 und 17 bis 19 in Form von Fotos dargestellt, an denen die Hypothesen des Herzogs Albrecht von Bayern überprüft wurden. Jede einzelne Serie ist mit einer Kapitelüberschrift versehen, die angibt, welches Untersuchungsziel mit dieser Serie verfolgt wurde. Bei den Serien 11 bis 16 und der Serie 20 wurde lediglich überprüft, ob die Stangen und

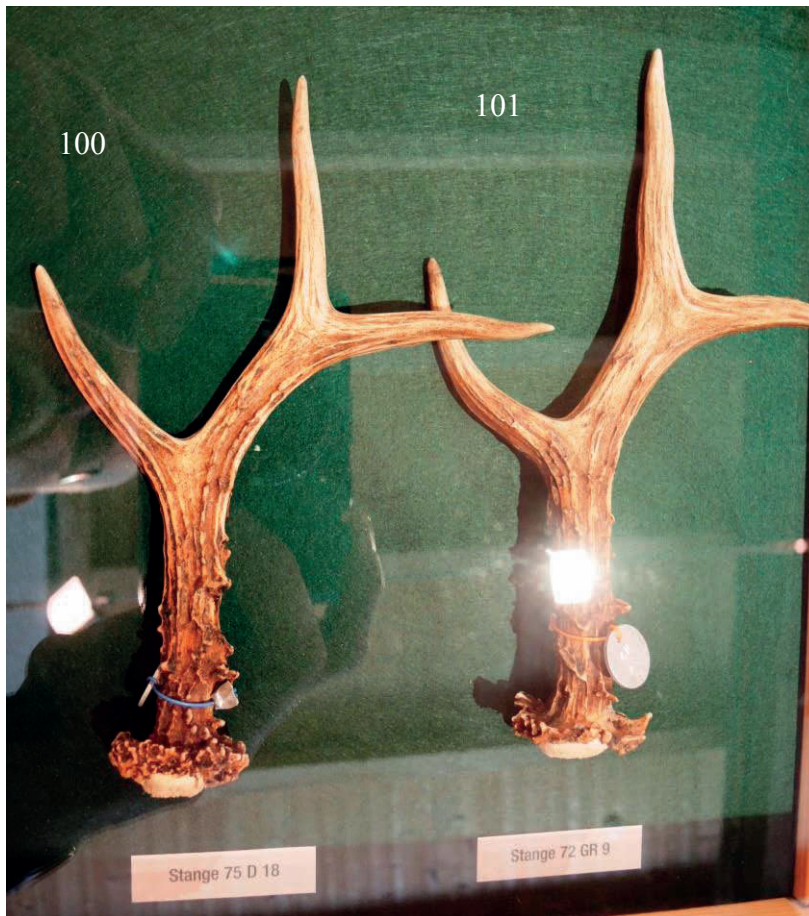
Schädel innerhalb einer Serie genetisch identisch sind. Die Ergebnisse sind in Tabelle 8 (Kap. 4.1) dargestellt.

Alle Fotos im folgenden Abschnitt stammen von Herrn Dr. Volmer, Arbeitskreis Wildbiologie, Justus-Liebig-Universität Gießen. Auf den Fotos ist die „jüngste“ Stange immer die oberste und die „älteste“ immer die unterste Stange. Fehlen Stangen von einem Jahr, so sind diese durch „FEHLT“ gekennzeichnet. Die einzelnen Stangen und Schädel sind mit der Katalognummer aus Tabelle 1 (Kap. 3.5.1) beschriftet. Von den nicht beschrifteten Abwurfstangen wurden keine Proben genommen.

#### **4.3.1 Untersuchungsziel: phänotypisch ähnliche Stangen stammen von unterschiedlichen Böcken**

Die in den Abbildungen 36 bis 39 dargestellten Stangen stammen aus der Serie 1 (Tab. 1). An diesen Stangen sollte die Hypothese des Herzogs Albrecht von Bayern überprüft werden, dass phänotypisch ähnliche Stangen trotzdem von unterschiedlichen Böcken stammen können. Diese Hypothese wurde durch die genotypischen Analysen bestätigt. Bis auf ein Pärchen (Abb. 39) sind alle Stangen genetisch unterschiedlich.



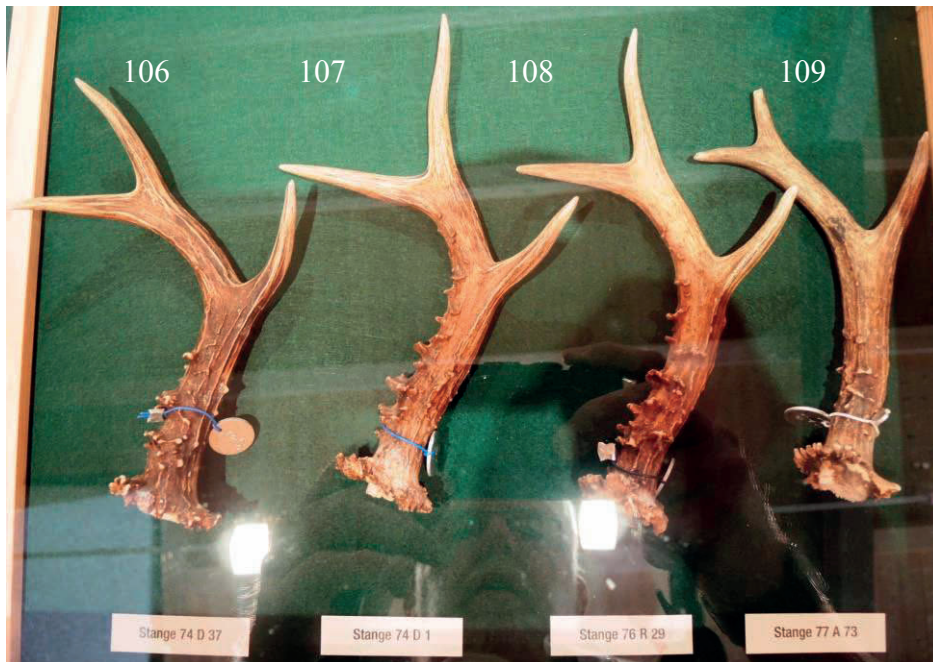


**Abbildung 36:** Stangen 100 und 101 aus Serie 1. Diese beiden Stangen unterscheiden sich nur durch die Form der Rose (100: Kranzrose, 101: Schnurrose), ansonsten sind sie phänotypisch sehr ähnlich (gleiche Form, gleiche Perlung und konkaves Petschaft), aber genetisch verschieden.



**Abbildung 37:** (links) Stangen 102 und 103 aus Serie 1. Diese beiden Stangen unterscheiden sich nur durch die Form der Rose (102: Schnurrose, 103: Kranzrose), ansonsten sind sie phänotypisch sehr ähnlich (gleiche Form und gleiche Perlung), aber genetisch verschieden.

**Abbildung 38:** (rechts): Stangen 104 und 105 aus Serie 1. Diese beiden Stangen sind phänotypisch identisch (gleiche Form, gleiche Perlung, flaches Petschaft und Rose), aber genetisch verschieden.



**Abbildung 39:** Stangen 106, 107, 108 und 109 aus Serie 1. Diese vier Stangen sind phänotypisch identisch (gleiche Form, gleiche Perlung, flaches Petschaft und Schnurrosen). Die Stangen 106 und 109 stammen von unterschiedlichen Böcken, während die Stangen 107 und 108 vom selben Bock stammen.

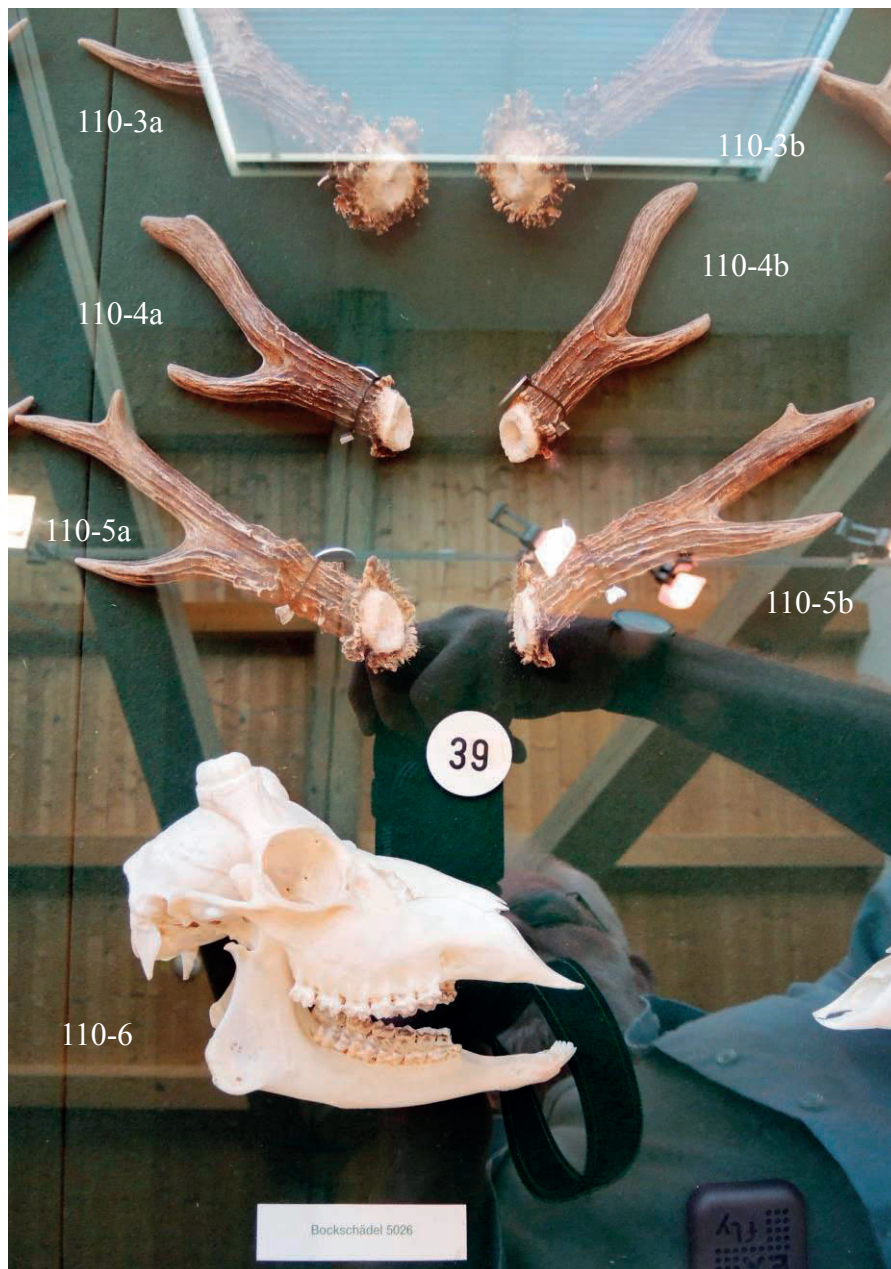
#### **4.3.2 Untersuchungsziel: Rosenform und Perlung variiert von Jahr zu Jahr**

Das Foto der 9 Abwurfstangen und des Schädels der Serie 2 (Tab. 1) wurde auf die Abbildungen 40 und 41 aufgeteilt. An diesen Stangen sollte die Hypothese des Herzogs von Bayern überprüft werden, dass sich innerhalb einer Serie von Jahr zu Jahr sowohl die Form der Rose als auch die Intensität der Perlung ändern kann. Diese Hypothese wurde durch die genotypischen Analysen bestätigt. Alle Stangen waren genotypisch gleich, stammten also von einem Bock.





**Abbildung 40:** Die Serie 2 ist unvollständig, d.h von einem Jahrgang fehlt eine Stange (oben) und vom nächsten Jahrgang beide Stangen (im Bild gekennzeichnet durch „FEHLT“). Bei der obersten, ältesten Stange (110-1b) ist die Rosen- und Perlenform kaum ausgeprägt. Zwei Jahre später ist die Perlung dagegen besonders stark ausgeprägt, dies spricht für ein „gutes“ Jahr (110-2a und 110-2b). Es liegt eine Kranzrosenform vor, die noch anhaftenden Haare sind ein Zeichen dafür, dass die Stangen bereits kurz nach deren Abwurf gefunden wurden. Im folgenden Jahr ist die Perlung nicht mehr so stark ausgeprägt, es liegt wieder eine Kranzrose vor (110-3a und 110-3b). Anschließend folgt ein Jahr in dem Perlung und Rose fast komplett fehlen (110-4a und 110-4b).



**Abbildung 41:** Serie 2 - Fortsetzung aus Abb. 40. Deutlich erkennt man die unterschiedlich ausgeprägte Perlung, die Rosenform wechselt (auf diesem Bild von oben nach unten) von einer Kranz- (110-3a und 110-3b) zu einer kaum noch vorhandenen Rose (110-4a und 110-4b) und zuletzt zu einer Schnurrose (110-5a und 110-5b). Bei allen Stangen ist das Petschaft konkav. Beim Schädel (110-6) fehlt das Geweih.

#### **4.3.3 Untersuchungsziel: Form der Sprossen variiert von Jahr zu Jahr**

Die Fotos der Serie 3 (Tab. 1) sind auf die Abbildungen 42 bis 44 verteilt. An diesen Stangen sollte die Hypothese des Herzogs von Bayern überprüft werden, dass sich innerhalb einer Serie die Form der Sprossen von Jahr zu Jahr ändern kann. Diese Hypothese wurde durch die genotypischen Analysen bestätigt. Alle Stangen, bis auf die Stange 111-7a und der Schädel stammen von einem Bock.



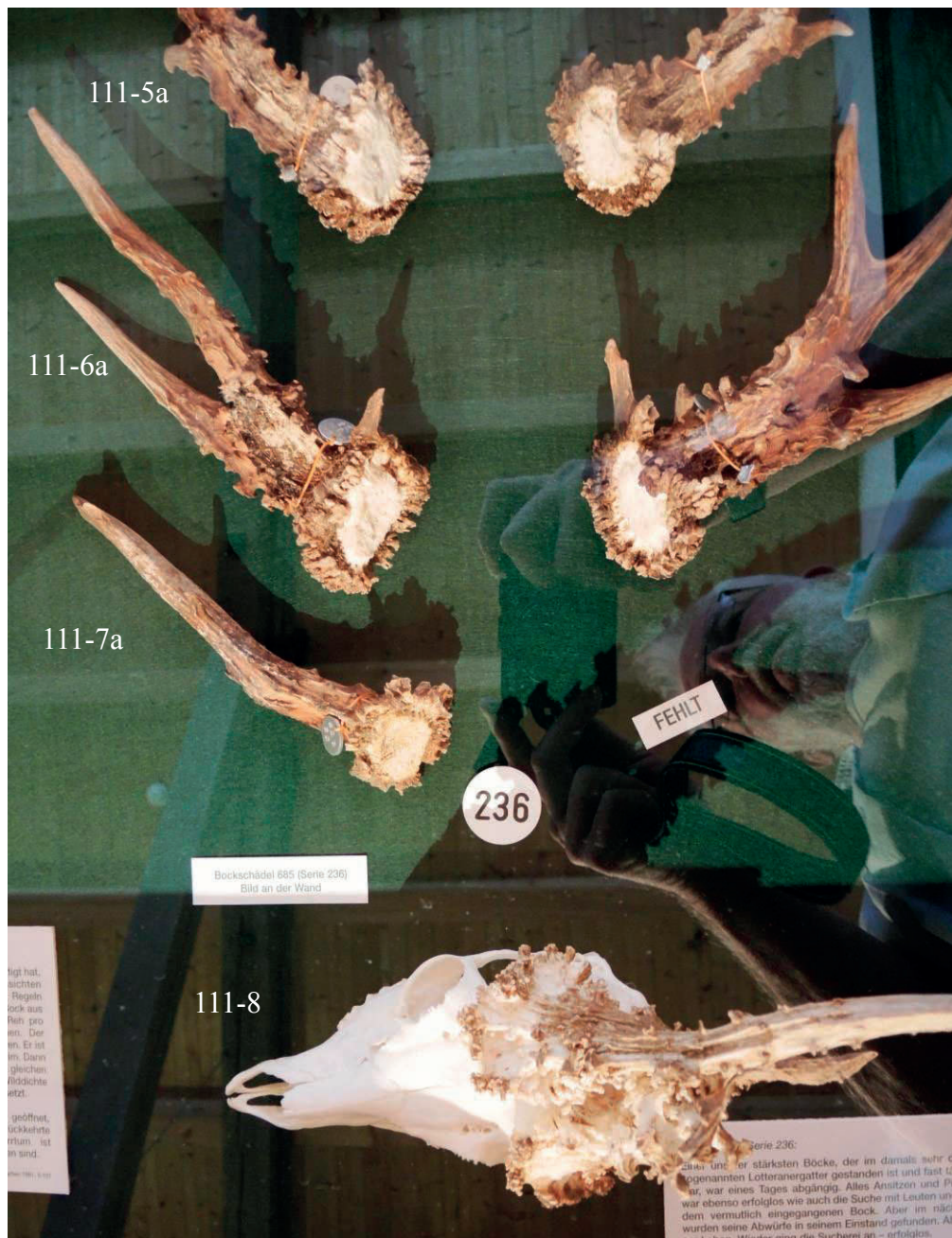


**Abbildung 42:** In Serie 3 wurden die rechten Stangen (linke Reihe) untersucht. Allen Stangen gemein ist ein extrem wulstiger, geperlter Kranz, auch das Petschaft ähnelt sich. An der mittleren (111-2a) und unteren (111-3a) rechten Stange befindet sich ein Fortsatz am Petschaft. Bereits der erste Abwurf (111-1a) besitzt eine Kranzrose und sechs Enden. Lediglich die Perlung fehlt noch.



**Abbildung 43:** Serie 3 - Fortsetzung aus Abb. 42. Auch hier erkennt man bei allen Stangen stark ausgeprägte Kranzdachrosen. Die Perlung ist sehr üppig, teilweise so stark, dass es aussieht, als würden zusätzliche Enden entstehen. Auffallend ist, dass die Form der Sprossen variiert.

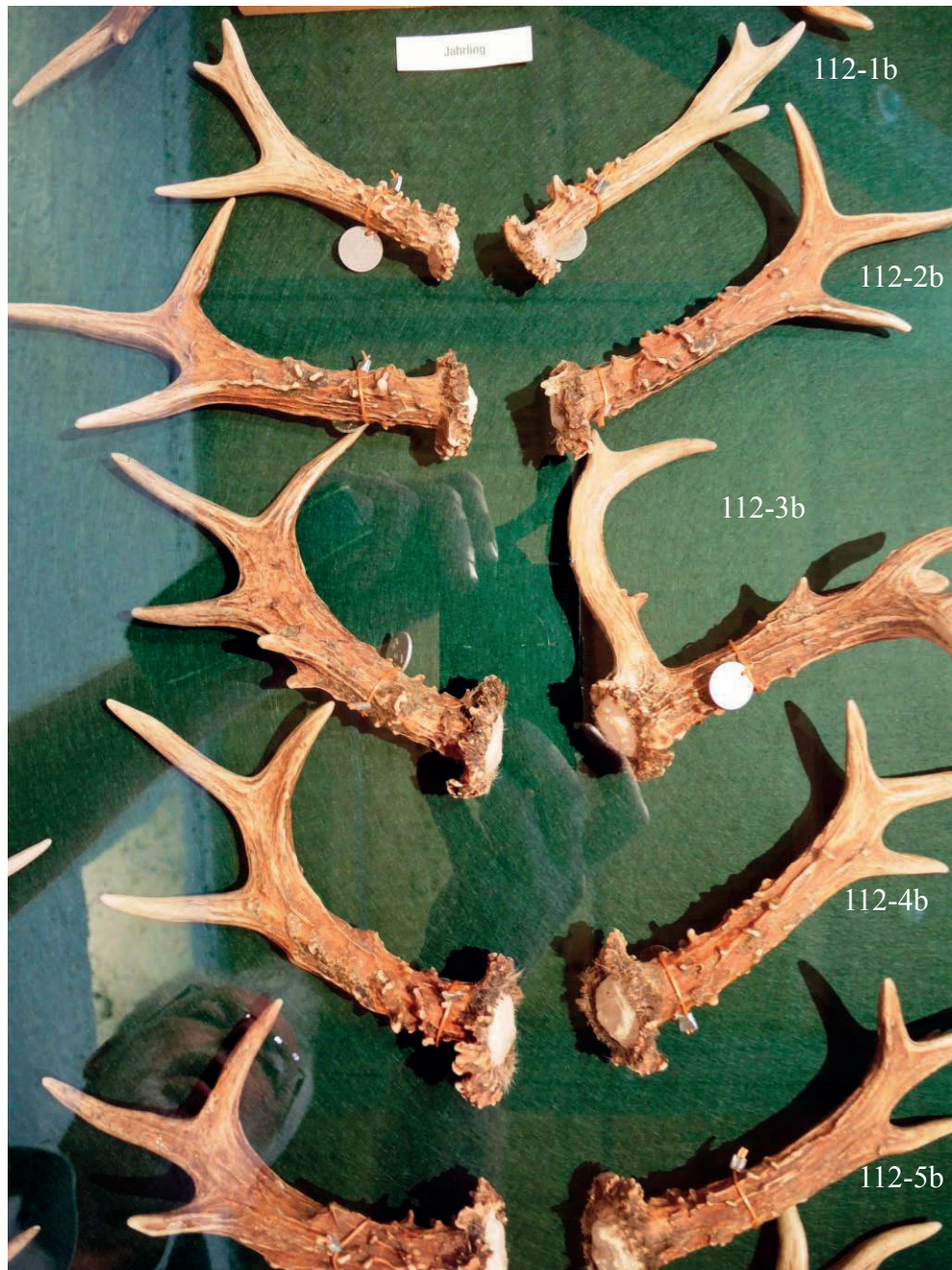




**Abbildung 44:** Serie 3 - Fortsetzung aus Abb. 43. Hier variiert die Form der Sprossen ebenfalls, das Petschaft hat stets einen großen Durchmesser. Der Spieß (111-7a) und der Schädel (111-8) stammen von unterschiedlichen Böcken und sind genetisch unterschiedlich zu den restlichen Stangen (111-1a bis 111-6a), die von einem Bock stammen.

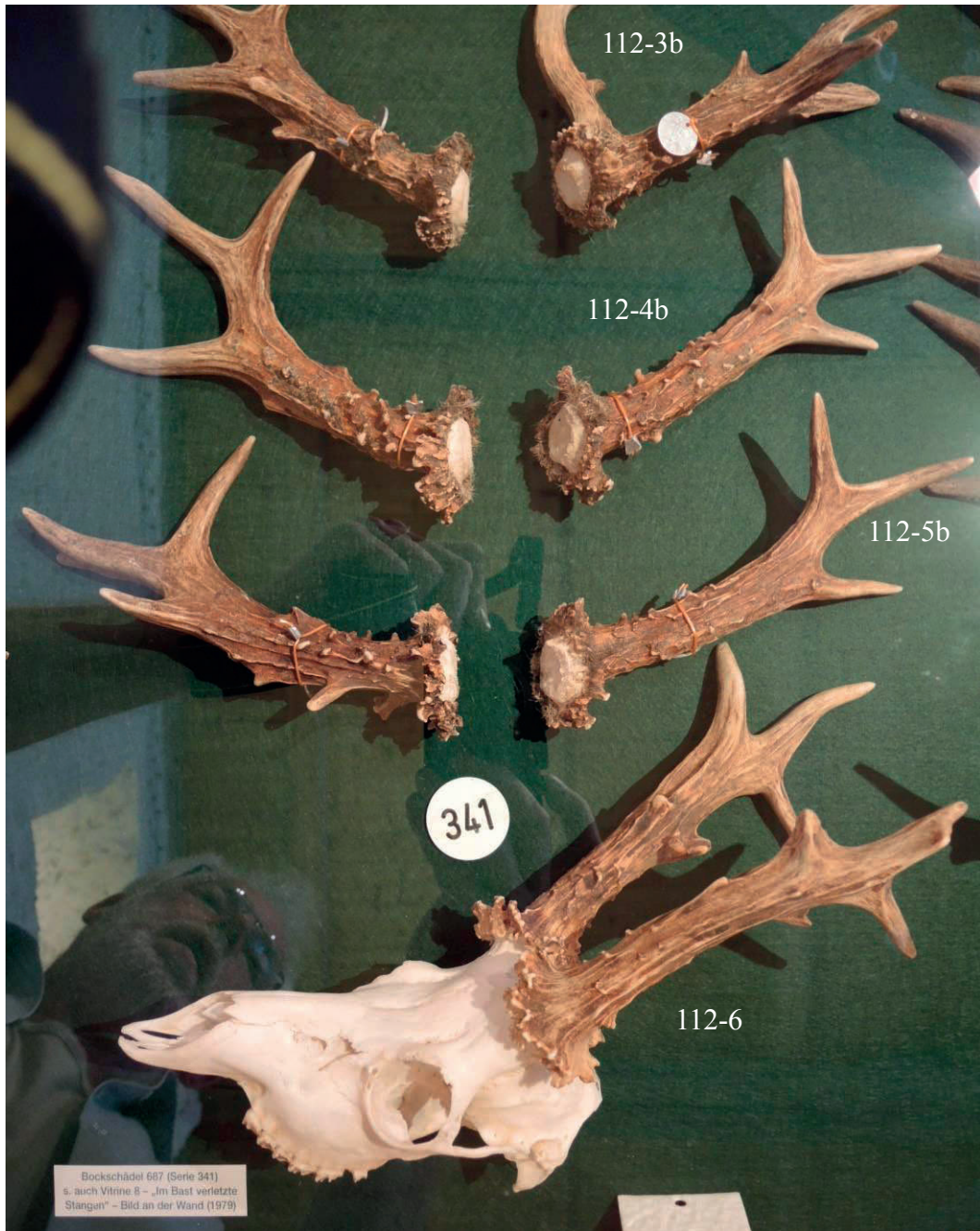
#### **4.3.4 Untersuchungsziel: Wechsel der Rosenform und Intensität der Perlung**

Die Stangen und der Schädel der Serie 4 (Abb. 45 und 46) stammen von einem Wildmarkenbock. Auch hier wurde die Hypothese des Herzogs Albrecht von Bayern genetisch bestätigt, dass die Form der Rosen und auch die Intensität der Perlung sich im Laufe der Zeit ändern können.



**Abbildung 45:** Stangen der Serie 4. Bereits das erste Abwurfstangenpaar (112-1) ist stark geperlt und besitzt, ebenso wie die restlichen Stangen der Serie eine Kranztellerrose, welche jedoch in ihrer Form variiert. An der mittleren Stange (112-3b) befindet sich direkt oberhalb der Rose eine zusätzliche Stange.

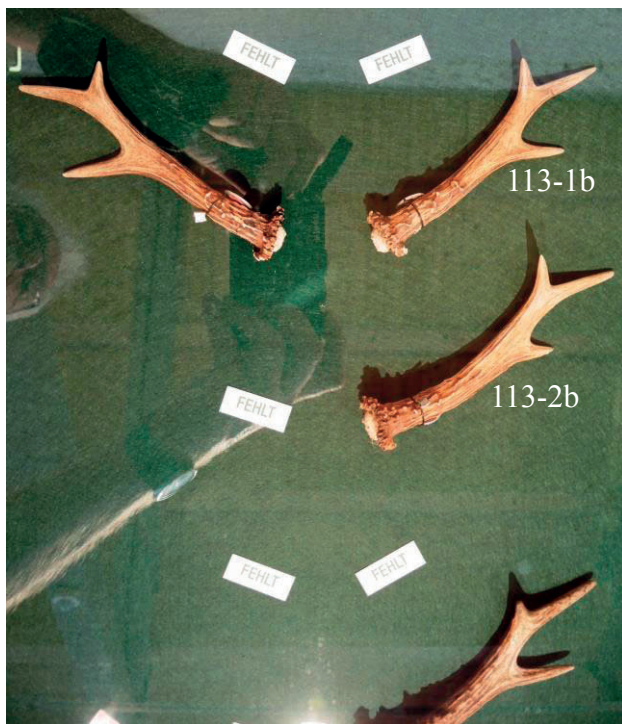




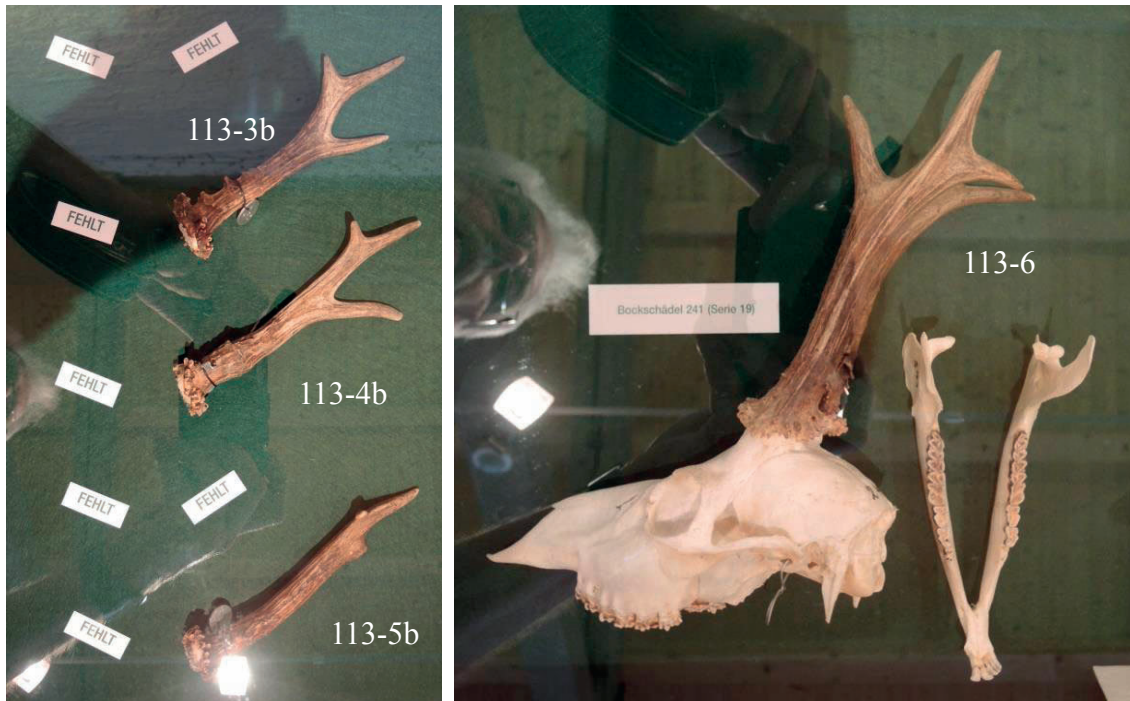
**Abbildung 46:** Serie 4 – Fortsetzung aus Abb. 45. Bei seinem Tod hat der Bock noch aufgetragen, die Perlung ist schwächer als in den Vorjahren und es liegen Dachrosen vor.

#### 4.3.5 Untersuchungsziel: Serie bis ins hohe Alter

Die Stangen der Serie 5 (Abb. 47-49) stammen von einem mittelmäßigen Bock. Die Perlung der Stangen ist schwach ausgeprägt. Bei einer Stange (113-5b) sind die Sprossen nahezu verschwunden, was auf ein „schlechtes“ Jahr hindeutet. Ansonsten treten bis ins hohe Alter keine Änderungen auf.



**Abbildung 47:** Serie 5. Das erste und vierte Abwurfstangenpaar fehlen. Bei den vorhandenen Stangen ist die Perlung kaum ausgeprägt, die Form der Sprossen bleibt gleich. Es liegen Kranztellerrosen vor.



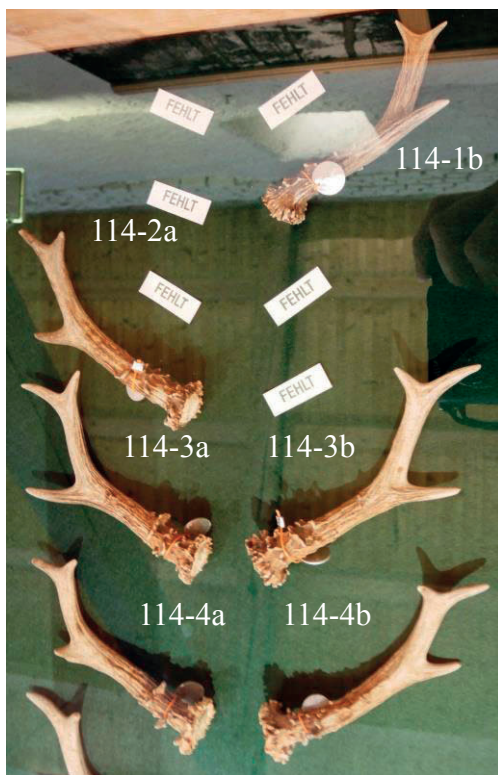
**Abbildung 48 (links):** Serie 5 – Fortsetzung aus Abb. 47. Auch diese Stangen sind kaum geperlt und haben Kranzrosen. Die Sprossen der letzten Stange (113-5b) sind nur noch schwach ausgeprägt, fast ein Spieß.

**Abbildung 49 (rechts):** Serie 5 – Fortsetzung aus Abb. 48. Bei seinem Tod trägt der Bock ein stärkeres Geweih als im Vorjahr. Die Rosenform entspricht der einer Dachrose.

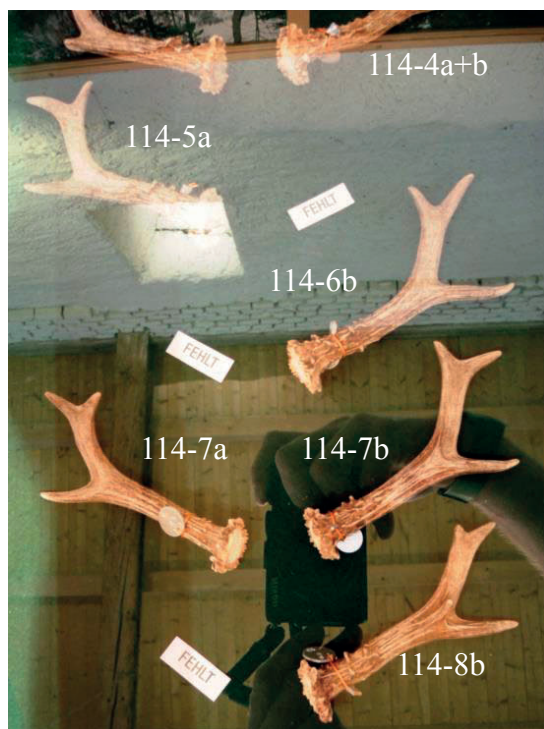


#### 4.3.6 Untersuchungsziel: Serie bis ins hohe Alter

Die Stangen und der Schädel der Serie 6 (Abb. 50-52) wurden durch Herzog Albrecht von Bayern einem Bock zugeordnet. Die genetische Untersuchung ergab, dass eine Stange (114-1b) von einem anderen Bock stammt. Die Sprossenform bleibt über die Zeit (11 Jahre) erhalten. Lediglich die Rosenform wechselt von einer Kranztellerrose (Stangen 114-1 bis 114-3) zu einer Schnurrose (Stangen 114-4 bis 114-10) und die Perlung variiert leicht.



**Abbildung 50:** Serie 6. Die oberste Stange (114-1b) gehört zu einem anderen Bock, ansonsten konnten alle Stangen dieser Serie einem einzigen Bock zugeordnet werden, welcher sehr alt geworden ist. Allen Stangen gemein ist, dass diese nur schwach geperlt sind und meistens kurze Vorder- und Mittelsprossen haben. Die ersten Stangen weisen noch Kranztellerrosen auf, ab dem letzten Stangenpaar auf diesem Bild (114-4a und 114-4b) weisen alle Stangen eine Schnurrose auf.



**Abbildung 51 (links):** Serie 6 - Fortsetzung aus Abb. 50. Die Schnurrosen liegen in Form einer Dachrose vor.

**Abbildung 52 (rechts):** Serie 6 - Fortsetzung aus Abb. 51. Das Petschaft weist einen großen Durchmesser auf und ist stets flach. Die Höhe der Rosen nimmt mit zunehmendem Alter ab.

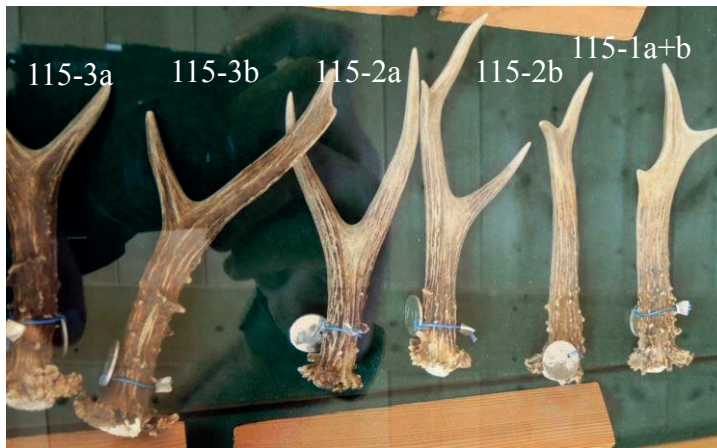


#### 4.3.7 Untersuchungsziel: Zuordnung der Stangen

Die Stangen der Serie 7 (Abb. 53+54) wurden durch Herzog Albrecht von Bayern 5 Böcken zugeordnet. Diese Zuordnung wurde genetisch bestätigt. Die nebeneinander ausgestellten Stangen gehören jeweils paarweise zu einem Bock.



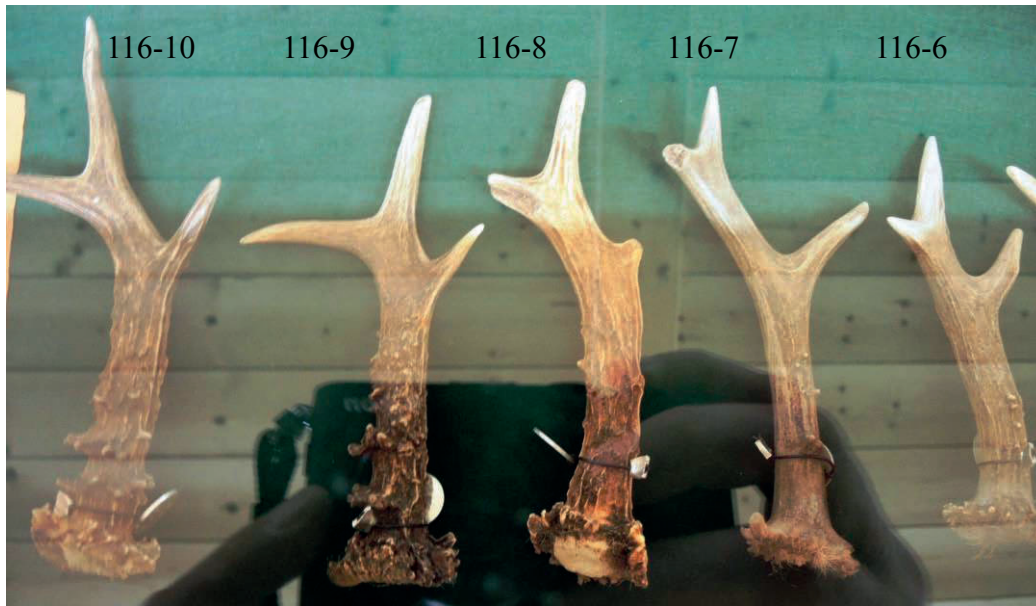
**Abbildung 53:** Serie 7. Allen Stangen gemein sind Tropfenrosen. Das erste Paar links (115-5a und 115-5b) hat kräftige Perlen und deutlich ausgeprägte Sprossen. Das zweite Paar (115-4a und 115-4b) besitzt weniger ausgeprägte Perlen und stumpfe Enden, die Stangen sind relativ dick. Das dritte Paar (115-3a und 115-3b) hat eine mittelmäßige Perlung und Vorder- und Mittelspross der Stange 115-3b sind miteinander verwachsen. Das Petschaft ragt unter der Rose hervor. Das letzte Stangenpaar (115-2a und 115-2b) im Bild hat besonders dünne Tropfenrosen, jeweils ein deutlich erkennbares Petschaft und pro Stange lediglich zwei Enden.



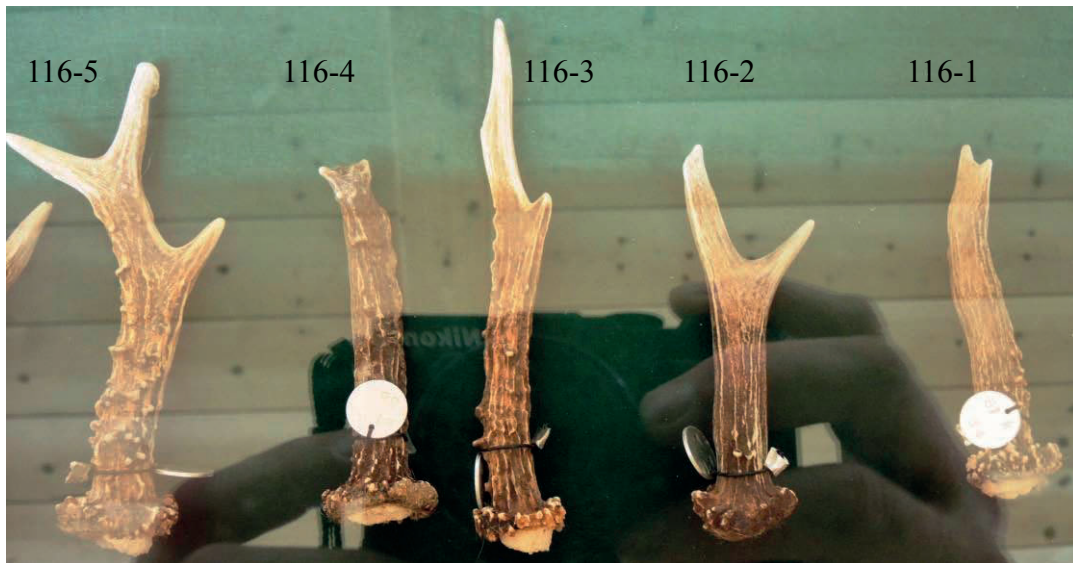
**Abbildung 54:** Serie 7 – Fortsetzung aus Abb. 53. Diesen Stangen gemein ist, dass ebenfalls Tropfenrosen vorliegen und die Stangen eher von „schwächerer“ Qualität sind. Die Perlung ist schwach ausgeprägt. Auffällig ist die unterschiedliche Entwicklung der Sprossen, bei denen oft ein Ende nur schwach ausgeprägt, mit einem anderen Ende verwachsen oder gar nicht vorhanden ist.

#### 4.3.8 Untersuchungsziel: Zuordnung der Stangen

Die Stangen der Serie 8 (Abb. 55+56) wurden durch Herzog Albrecht von Bayern 10 verschiedenen Böcken zugeordnet. Diese Zuordnung wurde genetisch bestätigt. Bis auf Stange 116-7 (Abb. 55), welche eine Tropfenrose hat, liegt bei allen Stangen eine Kranzrose vor. Das Maß der Perlung schwankt von mäßig bis schwach. Die Stangen unterscheiden sich außerdem in Anzahl der Sprossen, Form der Stangen, Form des Petschafts und Ausprägung der Rillen.



**Abbildung 55:** Serie 8. Alle Stangen sind mäßig (116-10 und 116-9) bis schwach geperlt und tragen eine Kranzrose. Die zweite Stange von rechts (116-7) bildet mit einer Tropfenrose eine Ausnahme. Diese und die mittlere Stange (116-8) weisen Bruchstellen in der Endsprosse auf.



**Abbildung 56:** Serie 8 – Fortsetzung aus Abb. 55. Diese Stangen stammen von schwachen oder alten Böcken, erkennbar an der mäßigen Perlung und der kaum vorhandenen Endenbildung. Die erste Stange von links (116-5) weist zudem eine Blase am Ende der Mittelsprosse auf. Alle Stangen besitzen eine Kranzrose und unterschiedliche Petschaftformen.

#### **4.3.9 Untersuchungsziel: phänotypisch ähnliche Stangen stammen von unterschiedlichen Böcken**

Die Stangen der Serie 9 (Abb. 57+58) wurden durch Herzog Albrecht von Bayern 9 verschiedenen Böcken zugeordnet. Diese Zuordnung wurde genetisch bestätigt. Trotzdem ähneln sich die Stangen, bezogen auf Perlung und Form der Stange stark.



**Abbildung 57:** Serie 9. Auf den ersten Blick ähneln sich die Stangen in Form, Farbe und Art der Perlung. Bei genauerem Betrachten erkennt man, dass sich die Rosenform stark unterscheidet. Ganz links (117-9) liegt eine Kranztellerrose vor. Die beiden mittleren Stangen (117-7 und 117-8) besitzen Tellerrosen. Die rechte Stange (117-6) weist eine Tropfenrose in Form einer Dachrose auf. Stange 117-7 weist zudem eine leichte Verdickung mit Knick in der Vordersprosse auf.

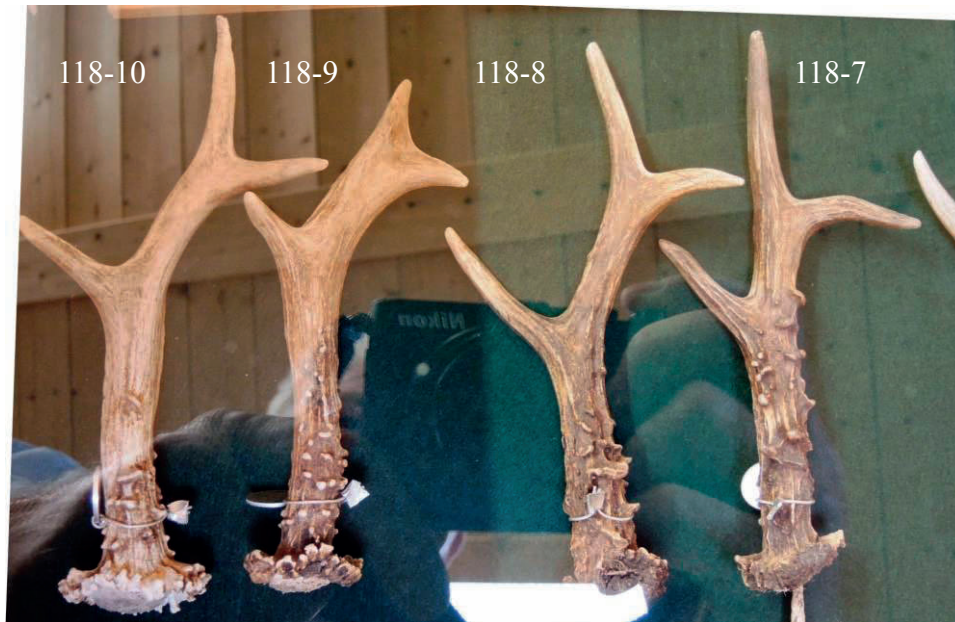




**Abbildung 58:** Serie 9 – Fortsetzung aus Abb. 57. Diese Stangen, zumindest die mittleren drei (117-2, 117-3 und 117-4), ähneln sich auf dem ersten Blick ebenfalls stark. Ganz links liegt eine Kranzrose vor, der Rest weist Schnurrosen auf. Die Perlung ist mittelmäßig ausgeprägt. Ganz rechts liegt ein Spieß vor.

#### **4.3.10 Untersuchungsziel: phänotypisch ähnliche Stangen stammen von unterschiedlichen Böcken**

Die Stangen der Serie 10 (Abb. 59-61) wurden durch Herzog Albrecht von Bayern 10 verschiedenen Böcken zugeordnet, obwohl sie paarweise eine hohe phänotypische Übereinstimmung besitzen. Die Zuordnung der Stangen wurde genetisch bestätigt.



**Abbildung 59:** Serie 10. Die Stangen ähneln sich paarweise. Die beiden linken Stangen (118-9 und 118-10) besitzen Schnurrosen, die beiden rechts (118-7 und 118-8) Kranzrosen. Die Stangen sind gut geperlt. Auffallend ist, dass die Sprossen der zweiten Stange von links (118-9) sehr kurz sind. Das Petschaft der beiden linken Stangen (118-9 und 118-10) ist leicht konvex. Aufgrund der Dachform der Rosen erkennt man das Petschaft der beiden rechten Stangen nicht.



**Abbildung 60:** Stangen der Serie 10 – Fortsetzung aus Abb. 59. Diese Stangen sind unterschiedlich stark geperlt. Die Rosenform ist sehr unterschiedlich. Ganz links (118-6) liegt eine Kranztellerrose vor, die mittlere Stange (118-5) weist eine Tellerrose auf und rechts (118-4) liegt eine Schnurrose in Tellerform vor. Stange 118-4 weist außerdem eine Kerbe am Ende der Mittelsprosse auf.





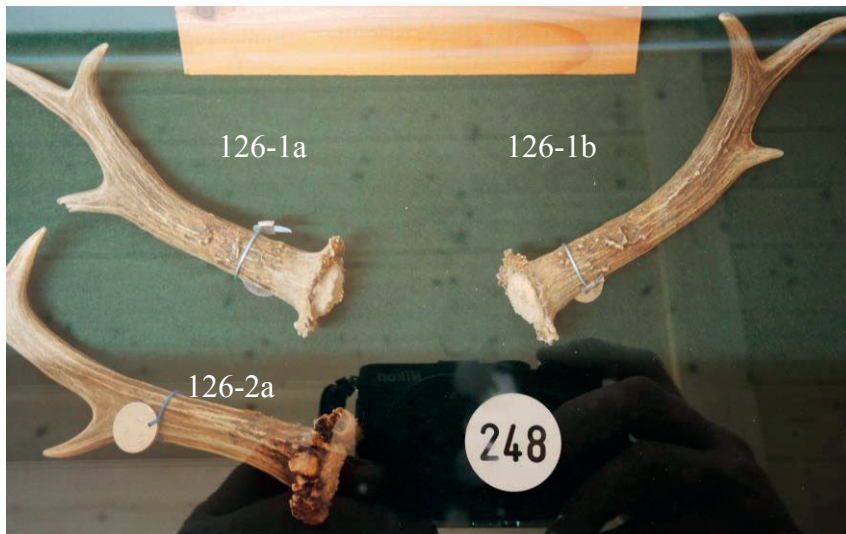
**Abbildung 61:** Serie 10 – Fortsetzung aus Abb. 60. Die linke Stange (118-3) ist mäßig geperlt, hat ein konvexes Petschaft und besitzt eine Kranztellerrose. Die Spitze der Mittelsprosse ist abgebrochen. Die mittlere Stange (118-2) ist etwas stärker geperlt und hat eine kurze Endsprosse. Die Rose setzt sich kaum von der Stange ab. Die rechte Stange (118-1) stammt von einem sogenannten Gabelbock, das heißt, sie hat nur zwei Enden. Die Perlung ist stärker, jedoch setzt sich die Rose kaum von der Stange ab.

#### 4.3.11 Untersuchungsziel: Wechsel Rosenform

An den Serien 17 (Abb. 62) und 18 (Abb. 63) sollte die Hypothese des Herzogs Albrecht von Bayern überprüft werden, dass sich die Rosenform von Jahr zu Jahr ändern kann. Die drei Stangen der Abbildung 62 stammen genetisch von einem Bock und wechseln die Form der Rosen, d.h. die Hypothese des Herzogs wurde bestätigt. Dagegen konnte anhand der Stangen in Abbildung 63 die Hypothese des Herzogs nicht bestätigt werden, da die entsprechenden Stangen von unterschiedlichen Böcken stammen.



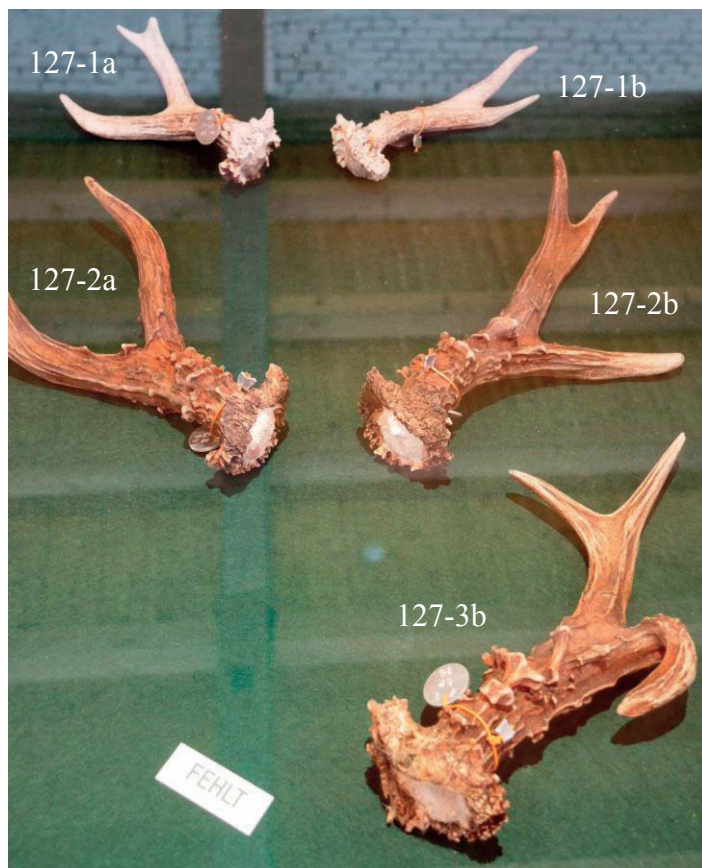
**Abbildung 62:** Serie 17. Die Form der Rosen wechselt von einer Kranzrose (125-1) über eine Tropfenrose (125-2) wieder zurück zu einer Kranzrose (125-3). Aber auch der Grad der Perlung (mäßige Perlung: 125-1; kaum ausgeprägte Perlung: 125-2; keine Perlung: 125-3) ändert sich bei diesem Bock von Jahr zu Jahr.



**Abbildung 63:** Serie 18. Das obere Stangenpaar (126-1a und 126-1b) und die untere Stange (126-2a) stammen von unterschiedlichen Böcken. Daher konnte der vom Herzog Albrecht von Bayern postulierte Wechsel der Rosenform an diesen Stangen nicht verifiziert werden. Die Stangen 126-1a und 126-1b weisen Schnurrosen auf, die Stange 126-2a dagegen eine Kranzrose. Bei allen Stangen ist eine Perlung nur angedeutet, Stange 126-1a weist zudem einen Bruch der Vorderspitze auf.

#### 4.3.12 Untersuchungsziel: Wechsel der Stangenform

An der Serie 19 sollte die Hypothese des Herzogs Albrecht von Bayern überprüft werden, dass sich die Stangenform von Jahr zu Jahr ändern kann. Die genetische Analyse ergab, dass die in den Abbildungen 64 und 65 dargestellten Stangen von insgesamt vier unterschiedlichen Böcken (Bock 1: 127-1a; Bock 2: 127-1b; Bock 3: 127-2a, 127-2b und 127-3b; Bock 4: 127-4) stammen. Die vom Herzog formulierte Hypothese konnte daher nur an den Stangen von Bock 3 überprüft und verifiziert werden.



**Abbildung 64:** Serie 19. Alle Stangen weisen Kranzrosen in einer Dachform auf. Die unteren drei Stangen (127-2a, 127-2b und 127-3b) sind stark geperlt und gehören zu einem Bock. Auffallend ist, dass die Form dieser drei Stangen variiert. Die unterste Stange (127-3b) weist eine nach unten gebogene Vordersprosse auf.



**Abbildung 65:** Serie 19 – Fortsetzung aus Abb. 64. Dieses Geweih, welches sich noch auf dem Schädel befindet, passt genetisch nicht zu den anderen Stangen dieser Serie, wurde also durch Herzog Albrecht von Bayern fälschlicherweise dieser Serie zugeordnet. Die sichtbare, besonders dicke Stange hat einzelne spitze Perlen und ist ansonsten glatt mit ausgeprägten Rillen. Es liegt eine Kranzdachrose vor.

## **5 Diskussion**

### **5.1 Diskussion der Methodik**

#### **5.1.1 DNA-Qualität**

Die Abwurfstangen und Schädel, die in dieser Arbeit untersucht wurden, waren zwischen 24 und 48 Jahre alt. Auffällig bei der Probenentnahme war die Heterogenität der Knochenspäne. Die Farben der Späne aus den Stangen variierte von weiß über grau zu schwarz, wohingegen die Späne aus den Schädeln gelb und außerdem im Gegensatz zur trockenen Masse aus dem Petschaft von teilweise schmieriger Konsistenz waren. In der Agarosegelelektrophorese zeigte sich, dass die extrahierte DNA aus den Schädeln zum größten Teil degradiert war.

Dagegen zeigte die DNA aus den Abwurfstangen durchweg Fragmente im höheren Molekulargewichtsbereich und war dementsprechend auch gut amplifizierbar. HOFFMANN und GRIEBELER (2013) beobachteten das gleiche Phänomen. Sie extrahierten DNA aus bis zu 200 Jahre alten Abwurfstangen von Rothirschen und stellten fest, dass die DNA ähnlich gut amplifizierbar war wie DNA, die aus frischem Gewebe extrahiert wurde. Sie führten dies darauf zurück, dass das Stangengewebe tot und ausgetrocknet ist und daher keine enzymatischen Zersetzungsprozesse mehr stattfinden können.

Von ALLENTOFT et al. (2012) wurde gezeigt, dass weniger das Alter der Knochen, sondern vielmehr deren Lagerung einen entscheidenden Einfluss auf die DNA-Qualität hat. DNA, welche für längere Zeit hoher Luftfeuchtigkeit mit einem pH <7 ausgesetzt war, ist möglicherweise noch fotometrisch messbar, aber im Extremfall aufgrund von Fragmentation und Depurinierung nicht mehr PCR-amplifizierbar. Daher ist zu vermuten, dass die Schädel zumindest teilweise solchen Lagerbedingungen ausgesetzt waren. In solchen Fällen wurde in dieser Studie die Anzahl der PCR-Zyklen erhöht, sodass ausreichend Produkt erzeugt wer-

den konnte, um es in der PAGE darzustellen. War die PCR-Produktausbeute immer noch zu gering, wurde zusätzlich die in die PCR eingesetzte DNA-Menge erhöht. Durch diese Maßnahmen gelang es von allen Proben ein Mikrosatellitenprofil zu erstellen.

### **5.1.2 Etablierung der Genotypisierungs-PCR**

In Vorversuchen wurden für den Rothirsch bereits etablierte Mikrosatellitensysteme (WILLEMS et al., 2016) auf ihre Eignung für Rehe getestet. Die zur Etablierung der Mikrosatelliten-PCRs benötigte Reh-DNA wurde von Herrn Dr. Hecht aus der Veterinär-Pathologie der Justus-Liebig-Universität Gießen zur Verfügung gestellt. Insgesamt wurden 19 Primerpaare zur Amplifikation von Mikrosatelliten getestet. Davon konnten neun nicht verwendet werden, da das Ergebnis entweder monomorph (IOBT965, CSSM16, MM12, RME25, Haut14, INRA35, CSSM22) oder PCR-negativ (CSSM14 und RT6) war. Eine ähnliche Beobachtung machten POETSCH et al. (2001) bei dem Versuch speziesübergreifende und informative Mikrosatelliten für Cerviden, im Speziellen für Rothirsche, Rehe und Damwild zu etablieren. Von 12 getesteten Mikrosatelliten stellten sich lediglich sechs als informativ für alle drei Spezies heraus. Drei (NVHRT21, NVHRT48 und NVHRT73) dieser sechs Mikrosatelliten wurden auch in dieser Arbeit eingesetzt.

Bei der Auswahl von Mikrosatelliten zur Genotypisierung sollte darauf geachtet werden, dass sie sich auf unterschiedlichen Chromosomen befinden. Von den 7 für die Genotypisierung eingesetzten Mikrosatelliten stammten zwei (CSPS115 und T172) vom Hirsch, zwei (ETH225 und IDVGA59) vom Rind und drei (NVHRT21, NVHRT48 und NVHRT73) vom Rentier, also alle von einer anderen Tierspezies. Da die Lokalisation der Marker nicht bekannt war, stellte sich die Frage, ob alle Marker unabhängig voneinander vererbt werden, also nicht miteinander gekoppelt sind (SLATKIN, 2008). Dies wurde mit dem Programm Genepop 4.0 überprüft. Das Ergebnis zeigte, dass bei allen paarweisen Vergleichen

keine Kopplung zwischen den Markern vorlag und sie deshalb für die weiteren populationsgenetischen Untersuchungen eingesetzt werden konnten.

## **5.2 Diskussion der Ergebnisse**

### **5.2.1 Populationsgenetische Parameter**

Zwei Marker (ETH225 und CSPA115) zeigten eine hochsignifikante Abweichung vom HWE verursacht durch ein Heterozygotendefizit. Dies kann folgende Gründe haben:

- Verletzung der Kriterien einer idealen Population (zufällige Paarung, keine Mutationen, keine genetische Drift, keine Migration)
- Auftreten von Subpopulationen (Wahlund-Effekt) oder
- Auftreten von Nullallelen.

Dass eine oder mehrere Kriterien des HWE verletzt wurden ist nicht anzunehmen, da in solchen Fällen nicht nur zwei, sondern mehr Marker vom HWE abweichen müssten. Ein Test auf Nullallele mit dem Programm Cervus 2.0 zeigte, dass beide Marker eine hohe Frequenz an Nullallelen aufwiesen, die für Marker ETH225 28,6% und für Marker CSPA115 51,3% betrug. In der Literatur ist beschrieben, dass eine Berechnung populationsgenetischer Parameter unter Einbezug solcher Marker ein fehlerhaftes Bild der Population(en) liefert KELLY et al., 2011. Daher wurden diese beiden Marker zur Berechnung populationsgenetischer Parameter ausgeschlossen.

Die höchste Anzahl an Allelen zeigten die drei Marker T172, IDVGA59 und NVHRT21 mit 13, 13 und 10 (Tab. 9). Allerdings war die effektive Allelzahl bei IDVGA59 mit 5,731 und bei NVHRT21 mit 4,734 höher als bei T172 mit



4,059. Der Grund dafür ist, dass die Verteilung der Allele bzw. die Allelfrequenzen bei IDVGA59 und NVHRT21 homogener sind als bei T172. Dies äußert sich auch dadurch, dass von den 13 Allelen des Markers T172 vier (Dürradmer: 3; Rothwald: 1) private Allele sind. Im Gegensatz dazu besitzt Marker NVHRT21 nur zwei und IDVGA59 nur ein privates Allel. Private Allele sind exklusiv einer Population vorbehalten und kommen in den anderen Populationen nicht vor.

## **5.2.2 Überprüfung der Hypothesen des Herzogs Albrecht von Bayern**

### **5.2.2.1 Phänotyp der Stangen ändert sich**

Die insgesamt 149 ausgewerteten Proben stammen von 73 verschiedenen Böcken. Mit Hilfe der Identifikation der einzelnen Stangen und Schädel in den insgesamt 20 Serien konnte bewiesen werden, dass sich die Geweihe optisch von Jahr zu Jahr verändern können und dass eine Zuordnung allein nach Phänotyp nicht zuverlässig ist. So ähneln sich die Stangen in der Serie 1 des Abschnitts 4.3.1 beispielsweise derartig, dass man sie jeweils für Geweihpaare halten könnte (Abb. 36-39). Jedoch stammen, bis auf zwei (Abb. 39), alle Stangen von verschiedenen Böcken. Dies wiederholt sich bei den Serien 9 (Abb. 57+58) und 10 (Abb. 59-61) in den Abschnitten 4.3.9 und 4.3.10.

Im Gegensatz dazu ist beim Rothirsch (*Cervus elaphus*) eine Zuordnung nach phänotypischen Merkmalen möglich, da eine hohe Erblichkeit der Geweihmerkmale vorliegt. In einer Studie von WELTE (2014) konnten die Geweihe mit einer Genauigkeit von 96,3 % allein aufgrund optischer Merkmale bezüglich ihrer Zugehörigkeit angesprochen werden. Fälschlich zugeordnete Geweihe stammten von engen Verwandten der den Geweihen zugeordneten Hirsche.

Während verwandte Individuen also oft ähnliche Phänotypen haben, können allerdings auch gemeinsame Lebensräume als ursächlich für ähnliche Phänotypen betrachtet werden (KRUUK et al., 2002). Der Lebensraum kann also auch den

konstant ähnlichen Phänotyp der Serien 5 (Abschnitt 4.3.5, Abb. 47-49) und 6 (Abschnitt 4.3.6, Abb. 50-52) erklären. Serie 5 enthält Stangen, die keiner Variation unterliegen bis auf Stange 113-5b, welche stark an einen Spieß erinnert (Abb. 48). Möglicherweise war der Bock in diesem Jahr krank oder litt an Nahrungsmangel (siehe auch Kapitel 1.1.1.2). Im Jahr seines Todes ist das Geweih wieder stärker ausgebildet (Abb. 49). Serie 6 umfasst Stangen aus einem Zeitraum von 11 Jahren. Hier treten geringe Änderungen des Phänotyps auf, auffällig ist die Abnahme der Rosenstockhöhe, was bereits durch COGHO (1886) als typische Erscheinung bei zunehmendem Alter bestätigt wird.

Diese Serie enthält eine falsch zugeordnete Stange (Stange 114-1b, Abb. 50). Eine mögliche Ursache für die mittelmäßige, aber gleichmäßige Ausbildung der Geweihe ist ein Lebensraum, der sich kaum verändert, den Tieren zwar ein langes Leben ermöglicht, jedoch nicht die Ressourcen für eine Überschussbildung bietet.

#### **5.2.2.2 Einflüsse auf die Geweihbildung**

Vorübergehendes Zurücksetzen der Geweihqualität, wie in den Abbildungen 40/41 (Abschnitt 4.2.2, Serie 2) durch reduzierte Perlung und Rosenbildung beziehungsweise wie in Abbildung 48 (Abschnitt 4.3.5, Serie 5) durch Bildung einer spießähnlichen Stange ersichtlich, kann beispielsweise auf Krankheiten, Parasitenbefall oder Nahrungsmangel durch schlechte Umweltbedingungen in diesen Geweihjahren zurückgeführt werden. Selbiges gilt beispielsweise für die auffallend schwachen Stangen in den Abbildungen 54 (Abschnitt 4.3.7, Serie 7) und 56 (Abschnitt 4.3.8, Serie 8). Eine weitere mögliche Ursache für den Geweihqualitätsverlust kann das hohe Alter der Tiere sein.

Auch beim Rothirsch (*Cervus elaphus*) wird eine Korrelation zwischen körperlicher Kondition und Geweihqualität beobachtet (RÖRIG, 1906). Durch kräftezehrende Heilungsvorgänge entstehen Missbildungen am Geweih. Ist im neuen Geweihzyklus der Heilungsprozess noch nicht abgeschlossen, kann es erneut zu einer

Missbildung des Geweihs kommen. Verletzungsbedingte Missbildungen werden nicht vererbt. Umweltbedingungen können beim Rothirsch die Geweihqualität beeinflussen (BERG et al., 1997). Nach FREEMAN et al. (2013) können diese Auswirkungen bei Maultierhirschen (*Odocoileus hermionus*) und Elchen (*Alces alces*) sogar an die Nachkommen weitergegeben werden. Dieser sogenannte maternale Effekt beschreibt den Einfluss der Umwelt eines Weibchens und ihres Phänotyps auf den Phänotyp der Nachkommen, unabhängig vom Genotyp derselben. Die Geweihgröße männlicher Nachkommen war signifikant assoziiert mit dem mütterlichen Zustand während Schwangerschaft und Laktation und der mit dem Zustand verbundenen Möglichkeit, körpereigene Ressourcen in den Nachwuchs zu investieren. Dies bedeutet, dass die mütterliche Kondition die Geweihgröße der Nachkommen bis ins Erwachsenenalter beeinflusst. Im Umkehrschluss resultieren wenige Klimaveränderungen in der Umgebung der Individuen in ähnlicheren Geweihgrößen innerhalb einer Population. SCHULTZ et al. (1995) stellen diesen maternalen Effekt auch bei der Körpermasse des Weißwedelhirsches (*Odocoileus virginianus*) fest. Weitere Studien bestätigen den Effekt beim Rentier (*Rangifer tarandus*) (REIMERS et al., 1997).

Auch in Studien von GARROWAY et al. (2005), MARSHAL et al. (2008), POST et al. (1997), LECKENBY et al. (1986), VERME (1986) und PICTON (1979 und 1984) wird bei verschiedenen Hirscharten (Weißwedelhirsch, Maultierhirsch, Rothirsch) nachgewiesen, dass Wetterbedingungen die Kondition von Weibchen und generell die Populationsperformance beeinflussen. Dem gegenüber steht eine Studie von VANPE et al. (2007), die zu dem Ergebnis kommt, dass Umweltkonditionen keinen signifikanten Einfluss auf das Geweihwachstum von Rothirschen haben. FREEMAN et al. (2013) führen Lokation, Probengröße oder die Wiederkäuerart Rothirsch an sich als mögliche Erklärungen für diese Diskrepanz auf. Auch mangelnde Klimaveränderungen während der Studie sind eine mögliche Ursache für den nicht vorhandenen Einfluss der Umweltkonditionen. KRUUK et al. (2002) konnten wiederum feststellen, dass mit zunehmender Niederschlags-

menge die Geweihmasse beim Rothirsch signifikant steigt. Eine erhöhte Populationsdichte geht des Weiteren beim Rothirsch mit einer Abnahme der Geweihqualität einher, ganz wie beim Reh (*Capreolus capreolus*).

LEHOCZKI et al. (2011) beschreiben in ihrer Studie, dass jodhaltige Hormone (Trijodthyronin, T3 und Thyroxin, T4), welche von der Schilddrüse produziert werden, ebenfalls eine Rolle bei der Geweihentwicklung spielen. Der Jodgehalt in Wasser und Nahrung korreliert positiv mit der Geweihgröße beim Reh. Dieser Einfluss besteht auch beim Weißwedelhirsch (HAMR et al., 1990; SEAL et al., 1978) und beim Rothirsch (SHI et al., 1994; BUBENIK et al., 1987).

Testosteron verbessert sowohl die Fortpflanzungsfähigkeit und körperliche Ausdauer männlicher Rothirsche als auch die Stärke der Geweihe – jedoch auf Kosten des Geweihdurchmessers und der Parasitenresistenz durch Unterdrückung des Immunsystems durch das Testosteron (MALO et al., 2009). Eine Selektion auf niedrigere Immunlevel resultiert in höheren Testosteronspiegeln und damit auch in größeren Geweihen (VERHULST et al., 1999). Generell kontrolliert Testosteron auch die Regulation des Geweihzyklus (LINCOLN, 1973; SUTTIE et al., 1984): Ein Anstieg an Testosteron löst das Wachstum der Rosen aus, ein Peak des Testosteronlevels führt zur Geweihmineralisation und die Abnahme des Testosteronspiegels resultiert im Abwurf der Geweihe. Dies wurde, wie in Kapitel 2.4.6 beschrieben, auch beim Rehwild beobachtet.

### **5.2.2.3 Pathologische Stangenbildung und Verletzungen**

Bei der Bildung einer zusätzlichen Stange kurz oberhalb der Rose in Abbildung 45 (Abschnitt 4.3.4, Serie 4) wird von Herzog Albrecht von Bayern eine Bastverletzung als ursächlich betrachtet. Allerdings wäre auch eine Verletzung der Rose und somit die Bildung einer Doppelstange in Betracht zu ziehen. Die Blasenbildung in einer Mittelsprosse auf Abbildung 56 (Abschnitt 4.3.8, Serie 8) kann ebenfalls durch eine Verletzung im Bast entstanden sein. Weitere mögliche Folgen

einer Bastverletzung sind die Knickbildung mit leichter Verdickung in einer Vordersprosse auf Abbildung 57 (Abschnitt 4.3.9, Serie 9) und die abwärts gebogene Vordersprosse einer sonst starken Stange in Abbildung 64 (Abschnitt 4.3.12, Serie 19).

Durch Verletzung der Schädeldecke und Entzündung der Knochenhaut können Exostosen entstehen, die kleinen Geweihen ähneln. Diese können gefegt, abgeworfen und neu gebildet werden. Teilweise ist eine Rosen- und Perlenbildung möglich. Die Bildung von Exostosen wirkt sich negativ auf die Entwicklung der Hauptstange aus (RÖRIG, 1906). Verletzungen des Kolbengeweihs haben eine Deformation zur Folge. Wird das alte Geweih nicht abgeworfen, ist eine Geweihdoppelbildung möglich.

Ist eine Verletzung ausgeschlossen, können zusätzliche Sprossen durch eine Überschussbildung erklärt werden (LUTZ, 1991). RHUMBLER (1911) beschreibt eine zusätzliche Sprosse als Abflussventil für überschießendes Oberflächenwachstum. Erbbedingte Konstruktionsänderungen (BUBENIK, 1966) werden ebenfalls in Betracht gezogen.

Regelmäßig treten Stangen mit Bruchstellen und Einkerbungen in ihren Sprossen auf (Abbildungen 55, 56, 57, 58, 60, 61, 63). Derartige Defekte können beispielsweise beim Fegen des Bastgeweihs, beim Markieren der Reviere mittels Fegen und Schlagen an Bäumen oder durch Revierkämpfe mit anderen Böcken entstehen.

Rothirsche und viele andere Spezies bekämpfen einander mittels Aneinanderstoßen und Gegendrücken der Geweihe (CLUTTON-BROCK et al., 1979). Schwere Verletzungen bis zu Todesfällen sind mögliche Folgen. Es können einzelne Sprossen oder ganze Stangen brechen. Geschieht dies, so ist der Fortpflanzungserfolg in dieser Brunftsaison stark reduziert. Daraus folgt ein selektiver Vorteil durch besonders starke Stangen, beispielsweise durch eine dickere Kortikalschicht oder

einen größeren Durchmesser. Allerdings entsteht dadurch ein höherer Bedarf an Kalziumphosphat, das vom Skelett resorbiert wird (MUIR et al., 1987). Übermäßig starke Geweihbildung kann in einer geringeren Größe und somit reduzierter Kampffähigkeit resultieren (CLUTTON-BROCK, 1982; CLUTTON-BROCK et al., 1979; CLUTTON-BROCK et al., 1988). Das Skelett kann zudem geschwächt werden.

Eine weitere wichtige Ursache für defekte Geweihe beim Rothirsch (*Cervus elaphus*) ist der Spätwinterfrost (LANDETE-CASTILLEJOS et al., 2010). Dieser sorgt für eine Reduktion des Geweihgewichts, der kortikalen Dicke, der Dichte und des Durchmessers der Stangen. Die Stangen sind somit weniger resistent und deshalb zerbrechlicher. Diese Tatsache wird damit erklärt, dass die Geweihe aus dem Spätwinterfrost eine andere Mineralzusammensetzung hatten. Vermutet wird dabei ein indirekter Effekt der Nährstoffzusammensetzung, bedingt durch eine durch die Witterung bedingt veränderte Mineralkomposition der von den Hirschen aufgenommenen Pflanzen.

#### **5.2.2.4 Fehlerhafte Zusammenstellung von Stangen und Schädeln und Abschluss der Hypothesen**

Ursachen für eine teilweise fehlerhafte Zusammenstellung der Stangen und Schädel können vielfältiger Natur sein. Zum einen ist es möglich, dass bereits beim Anlegen der Sammlung Fehler passiert sind – denn die Stangen wurden in der Regel eher zufällig auf dem Waldboden gefunden und mangels genetischer Untersuchung alleine nach optischen Merkmalen und Markierungen zu Serien zusammengefasst.

Des Weiteren kann ein Umzug der Rehsammlung nach Berchtesgaden im Jahre 2005 zu weiteren Fehlzuordnungen, besonders bei den Schädeln, geführt haben. Es besteht ein dringender Bedarf der Revalidierung der aktuellen Zuordnung von Abwurfstangen und Schädeln. Eine Genotypisierung auf Mikrosatellitenbasis

kann die Sammlung vollends und verlässlich wissenschaftlichen Studien zugänglich machen.

Insgesamt konnten die Beobachtungen des Herzogs bestätigt werden. Das heißt, Formen des Petschafts, der Rose, der Stangen und der Perlung sind nicht genetisch fixiert, sondern werden maßgeblich durch Umweltbedingungen beeinflusst und unterliegen deutlichen Schwankungen.

Damit wird die geübte Praxis des Ansprechens von Rehböcken allein auf der Basis von Geweihmerkmalen in Frage gestellt.

## **6 Zusammenfassung**

Trotz mehrerer publizierter Studien, die beweisen, dass die Konstitution der Rehe und somit auch ihre Geweihmerkmale primär Umwelteinflüssen unterliegen, ist es noch weit verbreitet, Rehe mittels Wahlabschuss nach optischen Merkmalen hin zu selektieren.

Herzog Albrecht von Bayern formulierte Hypothesen, welche besagen, dass Geweihmerkmale sich im Hinblick auf Farbe, Form und Gestalt von Jahr zu Jahr verändern und nicht allein nach Phänotyp einander zugeordnet werden können. Dies wurde in vorliegender Studie untersucht. Hierzu wurde überprüft, ob die vom Herzog getroffene Zuordnung der Stangen zu individuellen Böcken genetisch nachvollzogen werden konnte.

Dabei wurden aus 20 Serien Bohrproben von insgesamt 136 Stangen und 13 Schädeln entnommen. Aus diesen Proben wurde DNA isoliert. Zusammen mit sieben Mikrosatelliten in zwei Multiplex-Ansätzen wurden daraus PCR-Amplifikate hergestellt. Diese wurden durch Polyacrylamidgelelektrophorese aufgetrennt, mittels GeneImagIR ausgewertet und mit den von Herzog Albrecht von Bayern zusammengestellten Serien aus Abwurfstangen und Schädeln verglichen.

Das genetische Material stammt von insgesamt 73 verschiedenen Böcken. In sechs Serien (30 %) stammen die Stangen von jeweils einem einzigen Bock, fünf Serien (25 %) bestanden aus jeweils zwei Böcken, zwei Serien (10 %) gehören zu jeweils drei verschiedenen Böcken und sieben Serien (35 %) beinhalten genetisches Material von vier oder mehr Böcken (siehe dazu auch Tabelle 8).

Bezieht man sich auf die Thesen über variierende Geweihmerkmale, können von sechs Serien drei in Bezug auf ihre korrekte Zusammenstellung und die dazugehörigen Hypothesen (Wechsel der Form der Rosen, Perlung und Stangen) eindeutig bestätigt werden (Serien 2 und 4 und 17) . Zwei Serien beinhalten zwar auch



Fehlzuordnungen, die Hypothese (Wechsel der Form der Rosen und Stangen) kann aufgrund der restlichen, korrekt zugeordneten Stangen (80 %), trotzdem bestätigt werden (Serien 3 und 19). Serie 18 (Wechsel der Rosenform) kann dafür nicht berücksichtigt werden, da die Fehlerrate zu hoch ist.

Bei zwei Serien wurden die zugehörigen Böcke sehr alt. Serie 5 stimmt genotypisch komplett überein. Sie enthält Stangen, die keiner Variation unterliegen bis auf Stange 113-5b, welche stark an einen Spieß erinnert. Im Todesjahr ist das Geweih wieder stärker ausgebildet. Serie 6 umfasst Stangen aus einem Zeitraum von 11 Jahren. Hier treten geringe Änderungen des Phänotyps auf.

Drei Serien wurden nach optischen Merkmalen zusammengestellt. Sie sollen beweisen, dass ein ähnlicher Phänotyp kein ausreichendes Kriterium für eine genetische Zusammengehörigkeit ist. Alle drei Serien bestätigen diese Hypothese, da sämtliche Stangen unterschiedlichen Böcken zugeordnet werden konnten (Serien 1, 9 und 10).

Neun Serien wurden allein auf Ihre Zuordnung überprüft (Serien 7, 8, 11-16 und 20). Serie 7 besteht aus Stangenpaaren von fünf verschiedenen Böcken. Drei Serien stammen komplett von einzelnen Böcken (Serien 8, 14 und 20). In drei weiteren Serien wurden zwar die Stangen korrekt zusammengestellt, aber einem falschen Schädel zugeordnet (Serien 11-13). Bei zwei Serien wurde der Schädel ebenfalls falsch zugeordnet und eine (Serie 15) bzw. zwei (Serie 16) Stangen.

Über die Hälfte der Schädel (54 %) wurde möglicherweise aufgrund des Umzugs der Rehsammlung im Jahr 2005 falschen Serien zugeordnet. Es ist unwahrscheinlich, dass die Fehlzuordnung durch Herzog Albrecht von Bayern vorgenommen wurde, weil die Fehlerrate wesentlich höher liegt als bei den von ihm zusammengestellten Abwurfstangen.

Des Weiteren wurden populationsgenetische Parameter mit denen aus anderen Populationsstudien verglichen. Berücksichtigt werden muss dabei die Tatsache, dass mangels gemeinsamer Mikrosatellitenkombinationen ein direkter, aussagekräftiger Vergleich nicht möglich ist. Vereinzelte gemeinsame Mikrosatelliten wurden jedoch verglichen. Insgesamt weist die Population aus der Steiermark unterdurchschnittliche Allelzahlen und Heterozygotiewerte auf. Die F-Werte in den einzelnen Revieren variieren auffallend stark. Von sieben verwendeten Mikrosatelliten weichen fünf signifikant vom HWE ab.

Es sind weitere Untersuchungen und eine Revalidierung der aktuellen Zuordnung von Abwurfstangen und Schädeln der Rehsammlung notwendig. Um sichere Vergleichswerte zu erhalten, sollte darauf geachtet werden, die gleichen Mikrosatellitenkombinationen vergangener Studien einzusetzen.

Zusammenfassend ist die geübte Praxis, Rehböcke allein aufgrund ihrer Geweihmerkmale zu selektieren, auf Basis dieser Untersuchungsergebnisse in Frage zu stellen.

## 7 **Summary**

Several published studies prove that the constitution of roe deer and hence the attributes of their antlers are primary a result of environmental influences. Nevertheless, selection of roe deer according to phenotypic traits and the form of their antlers is still widely used.

Duke Albrecht of Bavaria formulated hypotheses which state that antler attributes of individuals can change from year to year in terms of color, shape and form and that they cannot be used for the identification of individuals or the animal's genetic constitution. To test this hypothesis was the major goal of the present study. Thus, it was tested, whether the assignment of antlers to individual roebucks, as conducted by the duke could be proven on a genetic basis.

Out of 20 series, drill samples from parts of 136 antlers and 13 skulls were collected. From these samples, DNA was isolated. Together with seven microsatellites in two multiplex polymerase chain reactions, PCR-amplifications were performed. These were separated by polyacrylic gel electrophoreses, evaluated by GeneImagIR and compared to the antler series, compiled by Duke Albrecht of Bavaria.

The genetic material came from a total of 73 different roebucks. In six series (30%) the antlers were associated to one buck, five series (25%) consisted of two bucks, two series (10%) belonged to three different bucks and seven series (35%) contained genetic material from four or more bucks.

Referring to the theses about varying antler-characteristics, out of six series three (Series 2, 4 and 7) could clearly be confirmed (changing pedicles, pearling and antler shape). Although two of the remaining series include mismatches, the hypotheses (changing shape of pedicels, pearling and antlers) still can be confirmed

due to the remaining antlers that were identified correctly. Set 18 could not be considered for the hypothesis, as the error rate was too high.

Two sets belonged to two bucks, which became very old. Set 5 was genotypically completely in accordance. It contained antlers which hardly varied among each other, except for antler 113-5b that reminded more of a spit. In the year of the bucks death the antler grew stronger again. Set 6 comprises antlers from a period of 11 years, with hardly any phenotypic variation.

Three series were compiled by optical characteristics. They were meant to prove that compiling by optical characteristics is not a sufficient criterion for genetic identity. All three series confirm this hypothesis, since all the antlers could be assigned to different bucks (series 1, 9 and 10).

Nine series were checked for their assignment (series 7, 8, 11-16 and 20). Set 7 consisted of antler pairs from five different bucks. In series 8, 14 and 20 the antlers were assigned to completely different bucks. In three further series the rods were correctly assembled but assigned to the wrong skulls (series 11-13). In two series the skull also was misassigned, as well as one (set 15) or two (set 16) antlers.

More than half of the skulls (54%) were allocated to a wrong sets of antlers, possibly because of the relocation of the roe deer collection in 2005. Probably, this misallocation has not been done by the Duke himself, because the error rate was clearly higher than in his antler compositions.

Population genetic parameters were compared with those of other population studies. The absence of common microsatellite combinations has to be considered and so a valid comparison is not possible. However, single microsatellites that matched were compared. Overall, the population located in Steiermark showed a below average of allele numbers and heterozygosity. There is a remarkable varia-

tion of fixation index in the various hunting grounds. Five out of seven microsatellites showed a significant deviation from the Hardy-Weinberg-Equilibrium.

Further investigations and a revalidation of the current assignment of antlers and skulls of the roe deer collection are necessary. In order to obtain reliable comparative values, the use of identical microsatellite combinations should be ensured.

In conclusion, the standard practice of selecting roebucks just because of their antler attributes has to be questioned.

## 8      **Literaturverzeichnis**

- Aitken, R.J. (1974): Delayed implantation in roe deer (*Capreolus capreolus*), *Journal of Reproduction and Fertility* 39, pp. 225-233
- Aitken, R.J. (1979): The hormonal control of implantation, MRC Unit of Reproductive Biology, Edinburgh, CIBA Foundation Symposium – Maternal Recognition of Pregnancy
- Allentoft, M.E.; Collings, M.; Harker, D.; Haile, J.; Oskam, C.L.; Hale, M.L.; Campos, P.F.; Samaniego, J.A.; Gilbert, M.T.; Willerslev, E.; Zhang, G.; Scofield, R.P.; Holdaway, R.N.; Bunce, M. (2012): The half-life of DNA in bone: measuring decay kinetics in 158 dated fossils, *Proc. Biol. Sci.* 279 (1748), pp. 4724-4733, doi: 10.1098/rspb.2012.1745. Epub 2012 Oct 10
- Andersen, J. (1953): Analysis of a Danish roe deer population based upon the extermination of the total stock, *Danish Review of Game Biology* 2, pp. 127-155
- Andersen, R.; Linnell, J.D.C.; Aanes, R. (1995): Rådyr i kulturlandskapet: sluttrapport, NINA Fagrapport, 010, 1-80
- Andersen, R.; Duncan, P.; Linnell J. (1998): *The European Roe Deer: The Biology of Success*, Oslo: Scandinavian University Press
- Asher, G.W.; Macmillan, K.L. (1986): Induction of oestrus and ovulation in anoestrus fallow deer (*Dama dama*) by using progesterone and GnRH treatment, *Journal of Reproduction and Fertility*, 78, 693-697
- Ashley, M.V.; Dow, B.D. (1994): The use of microsatellite analysis in population biology: Background methods and potential applications, *Molecular Ecology and Evolution: Approaches and Applications* (Hrsg. Schierwater, B.; Streit, B.; Wagner, G.P.; DeSalle, R.). Basel, Boston, Berlin: Birkhäuser. Pp. 185-201

- Baccus, R.; Ruman, N.; Smith, M.N.; Reuterwall, C.; Cameron, D. (1983): Genetic variability and differentiation of large grazing mammals, *Journal of Mammalogy* 64, pp. 109-120
- Baker K.H.; Hoelzel, A.R. (2012): Evolution of population genetic structure of the British roe deer by natural and anthropogenic processes (*Capreolus capreolus*), *Ecology and Evolution* 2013; 3(1): 89-102
- Banfield, W.W.F. (1960): The use of caribou antler pedicle for age determination. *J. of Wildlife Mgmt.* 1960, 24, 1, 99-102.
- Barth, D.; Horn, K. (1980): Untersuchungen über das jahreszyklische Verhalten der Blutspiegel von Thyroxin und Harnstoff beim Reh (*Capreolus capreolus*), *Z. f. Jagdwiss.*, 26: 1-11
- Bayern, v. A.; von Bayern, J. (1977): Über Rehe in einem steirischen Gebirgsrevier, 2. Auflage, München: BLV Verlagsgesellschaft
- Bayern, v. A. (1991): Weichselboden – Bilder und Abschluss der Rehbeobachtungen, 1. Auflage, München: BLV Verlagsgesellschaft
- Berg, v.d., G.H.J.; Garrick, D.J. (1997): Inheritance of adult velvet antler weights and live weights in farmed red deer, *Livestock Production Science* 49, pp. 287-295
- Birras, G. (1981): Histologische und morphometrische Studien an den Schilddrüsen von Rehwild (*Capreolus capreolus*, Linné, 1758) und Rotwild (*Cervus elaphus*, Linné, 1758) unter besonderer Berücksichtigung des Einflusses von Alter und Jahreszeit (Heft 7 der AKWJ-Schriftenreihe), Stuttgart: Ferdinand Enke Verlag
- Bischoff, T.L.W. (1854): Entwicklungsgeschichte des Rehes, Gießen: Rickersche Buchhandlung
- Borg, K. (1970): On mortality and reproduction of roe deer in Sweden during the period 1948-1969, *Viltrevy* 7, pp. 121-149
- Borowski, S.; Kossak, S. (1975): The food habits of deer in the Bialowieza Primeval Forest, *Acta Theriologica* 20, 32: 463-506

- Bramley, P.S. (1970): Territoriality and reproductive behaviour of roe deer, *Journal of Reproduction and Fertility*, Supplement 11, pp. 43-71
- Brandt, K. (1901): *Das Gehörn und die Entstehung monströser Formen*, Berlin: Parey Verlag
- Broom, D.M.; Johnson, E. (1980): Responsiveness of handreared roe deer to odours from skin glands, *Journal of Natural History* 14, pp. 41-47
- Bubenik, A.B. (1960): Le rythme nycthémeral et le régime journalier des ongulés sauvages – Problèmes théorétiques – Rythme d'activité du chevreuil, *Mammalia* XXIV, 1, 1-59
- Bubenik, A.B. (1966): *Das Geweih – Entwicklung, Aufbau und Ausformung der Geweihe und Gehörne*, Hamburg und Berlin: Parey Verlag
- Bubenik, A.B. (1971): *Rehwildhege und Rehwildbiologie*, München: F.C. Mayer Verlag, 1-59
- Bubenik, A.B. (1990): Epigenetical, morphological, physiological and behavioral aspects of evolution of horns, pronghorns and antlers, pp. 3-113, in *Horns, pronghorns and antlers* (Hrsg. Bubenik, G.A.; Bubenik, A.B.), Springer-Verlag, New York, 562 pp.
- Bubenik, G.A.; Sempéré, A.J.; Hamr, J. (1987): Developing antler, a model for endocrine regulation of bone growth, Concentration gradient of T<sub>3</sub>T<sub>4</sub>, and alkaline phosphatase in the antler, jugular and the saphenous veins, *Calcified Tissue Int.* 41, pp. 38-43
- Buffon, C. (1753): *Histoire naturelle Générale et particulière, avec la description du cabinet du roi* XIV. Paris: Imprim. royale
- Buschiazzi, E.; Gemmell, N.J. (2006): The rise, fall and renaissance of microsatellites in eukaryotic genomes, *Bioessays* 28 (10), 1040-1050
- Callen, D.F.; Thompson, A.D.; Shen, Y.; Phillips, H.; Richards, R.I.; Mullet, G.C.; Sutherland, G.R. (1993): Incidence and origin of "null" alleles in the (AC)<sub>n</sub> microsatellite markers, *American Journal of Human Genetics* 52: 92-927; zitiert nach Zachos, F.E. (2005)



- Cibien, C.; Sempéré, A.J. (1989): Food availability as a factor in habitat use by roe deer (*Capreolus capreolus*), *Acta Theriologica* 34, pp. 111-123
- Claußen, G. (1991): Das Kartenhaus der Altersschätzung. *Wild und Hund* (1991) Nr. 15, S.4-9
- Clutton-Brock, T.H.; Albon, S.D.; Gibson, R.M.; Guinness, F.E. (1979): The logical stag: adaptive aspects of fighting in red deer (*Cervus elaphus* L.) *Animal Behaviour* 27, pp. 211-215
- Clutton-Brock, T.H. (1982): The functions of antlers, *Behaviour* 79, pp. 108-125
- Clutton-Brock, T.H.; Albon, S.D.; Guinness, F.E. (1988): Reproductive success in male and female red deer, in Clutton-Brock, T.H. (Hrsg): *Reproductive Success*, The Univ. of Chicago Press, Chicago, pp. 325-343
- Clutton-Brock, T.H.; Albon, S.D.; Guinness, F.E. (1989): Fitness costs of gestation and lactation in wild mammals, *Nature* 337, pp. 260-262
- Cogho, Dr. (1886): Über die Veränderungen der Rosenstöcke beim Geweihwechsel der Edelhirsche. Leipzig: P. Wolf
- Di Rienzo, A.; Peterson, A.C.; Garza, J.C.; Valdes, A.M.; Slatkin, M.; Freimer, N.B. (1994): Mutational processes of simple-sequence repeat loci in human populations, *Proceedings of the National Academy of Sciences* 91: 3166-3170
- Dohmen, O. (1974): Übereinstimmungen in der Gehörnform beim Rehbock, *Z. Jagdwiss.* 20 (1974), 207-209, Hamburg, Berlin: Verlag Paul Parey
- Dombrowski, R.v. (2011): *Das Reh*, 1. Auflage, Paderborn: Salzwasser Verlag GmbH, Reprint des Originals von 1876
- Dudzinski, W. (1970): Studies on *Cephenemya stimulator* (Clark / Diptera, Oestridae), the parasite of European roe deer, *Capreolus capreolus* (L.), II. Invasiology
- Dudzinski, W. (1993): Beziehungen zwischen Abschusshöhe und Befall mit der Rehrachenbremse, *Cephenemyia Stimulator* (Diptera, Oestriedae)

in einer Rehwildpopulation, Rehwild Symposium (Hrsg. Hofmann, R. R. und Pielowski, Z.), Schriften des AK Wildbiologie an der JLU Gießen e.V., Heft 21, 147-186

- Dutech, C.; Enjalbert, J.; Fournier, E.; Delmotte, F.; Barrès, B.; Carlier, J.; Tharreau, D.; Giraud, T. (2007): Challenges of microsatellite isolation in fungi, *Fungal Genetics and Biology* 44 (10) 933-949
- Eiberle, K.; Gautschi, A. (1981): Untersuchung über den Einfluß der Witterung auf das Geweihgewicht beim Reh, *Zeitschrift f. Jagdwiss.*, 1981, Vol. 27, Issue 4, 231-240
- Eiberle, K. (1987): Wintertemperaturen und Geweihgewicht beim Reh (*Capreolus capreolus*, L.), *Zeitschrift f. Jagdwiss.*, 1987, Vol. 33, Issue 1, pp 22-26
- Eisen, J.A. (1999): Mechanistic basis for microsatellite instability, *Microsatellites: Evolution and Applications* (eds Goldstein, D.B. & Schlötterer, C.). Oxford University Press, Oxford, UK, pp. 34–48
- Eisfeld, D. (1976): Ernährungsphysiologie als Basis für die ökologische Beurteilung von Rehpopulationen, *Rev. Suisse Zool.* 83 (4), 914-928
- Ellenberg, H. (1978): Zur Populationsökologie des Rehes (*Capreolus capreolus* L., Cervidae) in Mitteleuropa, Spixiana, München, Supplement 2, 211 pp.
- Flerov, K.K. (1952): Kabargi i oleni, *Phauna SSSR, Mlekopitauschie* [The genera *Moschus* and *Cervus*, Fauna of the USSR, Mammals], USSR Academy of Science Publishers, Moscow-Leningrad 1, pp. 1-256
- Flint, A.P.F., Krywinski, A., Sempéré, A.J., Mauget, R., Lacroix, A. (1994): Luteal oxytocin and the monoestry of the roe deer (*Capreolus capreolus*), *Journal of Reproduction and Fertility*, 101, 651-656
- Frankham, R.; Ballou, J.D.; Briscoe, D.A. (2004): *A Primer of Conservation Genetics*, Cambridge University Press: Cambridge

- Freeman, E.D.; Randy, T.L.; Clegg, K.; McMillan, B.R. (2013): Long-Lasting Effects of Maternal Condition in Free-Ranging Cervids, PLoS ONE 8 (3): e58373, doi: 10.1371/journal.pone.0058373
- Frevert, W. (1959): Rominten: Das ostpreußische Jagdparadies, 2. Auflage. München: Bayerischer Landwirtschaftsverlag
- Gager, v. (1900): Rehgehörn-Typen, A. Hugos Jagdzeitung, 43
- Garroway, C.J.; Broders, H.G. (2005): The quantitative effects of population density and winter weather on the body condition of white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) in Nova Scotia, Canada, Canadian Journal of Zoology 83, pp. 1246-1256
- Gilbert, P.F.; Gill, R.B.; Wallmo O.C. (1970): Effect of snow depth on mule deer in Middle Park, Colorado, The Journal of Wildlife Management, Vol. 34, No. 1, pp. 15-23
- Gromov, V.S. (1988): Growth regularities of the European (*Capreolus capreolus*) and Siberian (*C. pygargus*) roe deer, Zoologicheskii Zhurnal 67, pp. 1381-1392 (in Russian, English summary)
- Groves, C.P.; Grubb, P. (1987): Relationships of living deer, pp. 21-59, in Biology and management of the Cervidae (Hrsg. Wemmer, C.M.), Smithsonian Institution Press, Washington D.C., 577 pp.
- Hamr, J.; Bubenik, G.A. (1990): Seasonal thyroid hormone levels of free-ranging white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) in Ontario, Can. J. Zool. 68, pp. 2174-2180
- Harding, R.M.; Boyce, A.J.; Clegg, J.B. (1992): The evolution of tandemly repetitive DNA: recombination rules, Genetics 132, 847-859
- Hartwig, H.; Schrudde, J. (1974): Experimentelle Untersuchungen zur Bildung der primären Stirnauswüchse beim Reh (*Capreolus capreolus* L.), Zeitschrift für Jagdwissenschaft, March 1974, Volume 20, Issue 1, pp 1-13
- Hennig, R. (1962): Über das Revierverhalten der Rehböcke, Zeitschrift f. Jagdwiss., Vol. 8, Issue 2, pp 61-81

- Hepenstrick, D.; Thiel, D.; Holderegger, R.; Gugerli, F. (2012): Genetic discontinuities in roe deer (*Capreolus capreolus*) coincide with fenced transportation infrastructure, *Basic and Applied Ecology* 13, 613-638
- Herbst, U. (2001): *Abnorme Böcke*, Hamburg: Jahr Top Special Verlag
- Herbst, U. (2006): Eine Frage des Alters? Dachrosen beim Rehbock. *Jäger*, 7/2006, 44-47
- Hermes, R. (1997): *Sonographie der Trächtigkeit beim Europäischen Reh (Capreolus capreolus) und Quantifizierung endometrialer Veränderungen während der Diapause mittels computergestützter Graustufenanalyse*, Berlin, Dissertation Zur Erlangung des Grades eines Doktors der Veterinärmedizin an der Freien Universität Berlin
- Hoffmann, G.S.; Griebeler, E.M. (2013): An improved high yield method to obtain microsatellite genotypes from red deer antlers up to 200 years old, *Mol. Ecol. Resour.*, (3): 440-446. doi: 10.1111/1755-0998.12068. E-pub 2013 Jan 25.
- Hofmann, R.R. (1973): *The Ruminant Stomach (Stomach structure and feeding habits of East African Game Ruminants)*, E.A. Monographs in Biology 2; Nairobi; 1-354
- Hofmann, R.R. (1978): *Die Verdauungsorgane des Rehes und ihre Anpassung an die besondere Ernährungsweise, Wildbiologische Informationen für den Jäger*, Bd. I, S. 103-112, Stuttgart: Ferdinand Enke Verlag
- Hofmann, R.R. (1979): *Die Ernährung des Rehwildes im Jahresablauf nach dem Modell Weichselboden, Wildbiologische Informationen für den Jäger*, Bd. II, Stuttgart: Ferdinand Enke Verlag, 121-136
- Hofmann, R.R.; Kirsten, N. (1982): *Die Herbstmast-Simulation – Untersuchungsergebnisse und kritische Analyse eines praxisorientierten AKWJ-Projektes zur Problematik der Schalenwildfütterung*, Stuttgart: Ferdinand Enke Verlag

- Hofmann, R.R.(1988): Wildbiologische Betrachtungen über das Reh, Rehwild-Symposium, R.R. Hofmann und Z. Pielowski (Hrsg.), Schriften des AK Wildbiologie an der JLU Gießen e.V., Heft 21, Gießen, 1993
- Hofmann, R.R. (1993): Die morphologische Anpassung des Verdauungsapparates des Rehs, seine evolutionäre Differenzierung und jahreszeitlichen Veränderungen, Rehwild-Symposium Gießen, R.R. Hofmann und Z. Pielowski (Hrsg.), Schriften des AK Wildbiologie an der JLU Gießen e.V., Heft 21, Gießen
- Hofmann, R. (2007): Wildtiere in Bildern zur vergleichenden Anatomie, Hannover: Verlag M.&H. Schaper GmbH
- Hofmann, R.R. (2012): Über die Wechselwirkungen von Wald und Wild – eine uralte Geschichte der Ko-Evolution, Artenschutzreport, Heft 28/2012
- Hübner, F. (1938): Das Rehwild – Biologie. Weidwerk d. Welt, 1938, 197-200
- Infografik Rehmuseum Berchtesgaden
- Jacob, H.J.; Linderpaintner, K.; Lincoln, S.E.; Kusumi, K.; Bunker, R.K.; Mao, Y.-P.; Ganten, D.; Dzau, V.J.; Lander, E.S. (1991): Genetic mapping of a gene causing hypertension in the stroke-prone spontaneously hypertensive rat, *Cell* 67, 213-224
- Johansson, A.; Liberg, O. (1996): Functional aspects of marking behaviour by male roe deer (*Capreolus capreolus*). *Journal of Mammalogy*, 77, 558-567
- Kamieniarz, R.; Wolc, A.; Lisowski, M.; Dabert, M.; Grajewski, B.; Stepka, R.; Szwaczkowski, T. (2011): Inter and Intra Subpopulation Genetic Variability of Roe Deer (*Capreolus Capreolus* L.) Assessed by I and II Class Genetic Markers, *Folia biologica (Kraków)*, vol. 59 (2011) No 3-4
- Kelly, A.C.; Mateus-Pinilla, N.E.; Douglas, M.; Douglas, M.; Shelton, P.; Novakofski, J. (2011): Microsatellites behaving badly: empirical evaluation of genotyping errors and subsequent impacts on population studies, *Genet. Mol. Res.* (4), pp. 2534-2553, doi: 10.4238/2011.October.19.1.

- Kierdorf, U.; Kierdorf, H.; Schultz, M. (1994): The macroscopic and microscopic structure of double-head antlers and pedicle bone of cervidae (Mammalia, Artiodactyla), *Ann Anat.* 1994 Jun; 176 (3): 251-7
- Kierdorf, U.; Stoffels, E.; Stoffels, D.; Kierdorf, H.; Szuwart, T.; Clemen, G. (2003): Histological studies of bone formation during pedicle restoration and early antler regeneration in roe deer and fallow deer, *Anatomical Record Part A, Discov. Mol. Cell. Evol. Biol.*, 273 (2): 741-51
- Kierdorf, U.; Flohr, S.; Gomez, S.; Landete-Castillejos, T.; Kierdorf, H. (2013): The structure of pedicle and hard antler bone in the European roe deer (*Capreolus capreolus*): a light microscope and backscattered electron imaging study, *J Anat.* 2013 Oct;223(4):364-84. doi: 10.1111/joa.12091. Epub 2013 Aug 20
- Klein, D.R.; Strandgaard, H. (1972): Factors affecting growth and body size of roe deer, *The Journal of Wildlife Management*, Vol. 36, No. 1, pp. 64-79
- Klötzli, F. (1965): Qualität und Quantität der Rehäsung in Wald- und Grünland-Gesellschaften des nörlichen Schweizer Mittellandes, Promotionsarbeit, Buchdruckerei Berichthaus, Zürich
- Kolb, A. (1979): Das Scheinäsen des Rehes, *Zeitschrift für Jagdwissenschaften* 25, pp. 201-207
- König, R. (1993): Die Reproduktionsquote beim europäischen Rehwild *Capreolus capreolus* c. (L. 1758), *Rehwild-Symposium* (Hrsg. Hofmann, R. R. und Pielowski, Z.), *Schriften des AK Wildbiologie an der JLU Gießen e.V.*, Heft 21, 75-92
- Koorey, D.J.; Bishop, G.A.; McCaughan, G.W. (1993): Allele non-amplification: a source of confusion in linkage studies employing microsatellite polymorphisms, *Human Molecular Genetics* 2: 289-291
- Kröning, F. (1941): Die Geweihbildung, in: W. Bieger: *Handbuch d. Deutschen Jagd* I, 45-54

- Kruuk, L.E.B.; Slate, J.; Pemberton, J.M.; Brotherstone, S.; Guinness, F.; Clutton-Brock, T. (2002): Antler Size in Red Deer: Heritability and Selection but no Evolution, *Evolution*, 56 (8), pp. 1683 – 1695
- Kuehn, R.; Hindenlang, K.E.; Holzgang, O.; Senn, J.; Stoeckle, B.; Sperisen, C. (2007): Genetic Effect of Transportation Infrastructure on Roe Deer Populations (*Capreolus capreolus*), *Journal of Heredity* 2007, 98(I), 13-22
- Kurt, F. (1970): *Rehwild*, BLV Verlagsgesellschaft München, 174 pp.
- Kurt, F. (1991): *Das Reh in der Kulturlandschaft – Sozialverhalten und Ökologie eines Anpassers*, Hamburg und Berlin: Paul Parey
- Landete-Castillejos, T.; Currey, J.D.; Estevez, J.A.; Fierro, Y.; Calatayud, A.; Ceacero, F.; Garcia, A.J.; Gallego, L. (2010): Do drastic weather effects on diet influence changes in chemical composition, mechanical properties and structure in deer antlers? *Bone* 47, pp. 815-825
- Leckenby, D.A.; Adams, A.W. (1986): A weather severity index on a mule deer winter range, *Journal of Range Management*, pp. 244-248
- Lehoczki, R.; Erdélyi, K.; Sonkoly, K.; Szemethy, L.; Csány, S. (2011): Iodine Distribution in the Environment as a Limiting Factor for Roe Deer Antler Development, *Biol. Trace Elem. Res.* 139, pp. 168-176
- Levinson, G.; Gutman, G.A. (1987): Slipped-strand mispairing: a major mechanism for DNA sequence evolution, *Molecular Biology and Evolution* 4, 203-221
- Li, Y.C.; Korol, A.B.; Fahima, T.; Beiles, A.; Nevo, E. (2002): Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review, *Molecular Ecology* 11: 2453-2465
- Lincoln, G.A. (1973): Appearance of antler pedicles in early foetal life in red deer, *J. Embryol. Exp. Morphol.* 29, pp. 431-437
- Lister, A.M.; Grubb, P.; Sumner, S.R.M. (1998): *Taxonomy, morphology and evolution of European roe deer*, nach Andersen, R.; Duncan, P.; Linnell, J.D.C. (Hrsg): *The European roe deer: the biology of success*, Scandinavian University Press

- Litt, M.; Luty, J.A. (1989): A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle act-ingene, *American Journal of Human Genetics* 44, 397-401
- Lojda, Z. (1956): Histogenesis of the antlers of our Cervidae and its histo-chemical picture. *Československa Morfologie*, 4: 43-65
- Lorenzini, R.; Lovari, S.; Masseti, M. (2002): The rediscovery of the Ital-ian roe deer: genetic differentiation and management implications, *Italian Journal of Zoology* 69: 367-379
- Lorenzini, R.; José, s.C.; Braza, F.; Aragón, S. (2003): Genetic differentia-tion and phylogeography of roe deer in Spain, as suggested by mitochon-drial DNA and microsatellite analysis, *Italian Journal of Zoology*, 70:1, pp. 89-99
- Lutz, W. (1991): Abnorme Augsprossen bei einem Rothirsch, *Zeitschrift für Jagdwissenschaft* 37, pp. 63-65
- Maggio, G. (1979): Ist Rehwildhege im Sinne der Forschungserkenntnisse aus Weichselboden in der Praxis möglich?, *Wildbiologische Informationen für den Jäger*, Stuttgart: Ferdinand Enke Verlag, 169-186
- Malo A.F.; Roldan, E.R.S.; Garde, J.J.; Soler, A.J.; Vicente, J.; Gortazar, C.; Gomendio, M. (2009): What does testosterone do for red deer males?, *Proceedings of the Royal Society B* 276, pp. 971-980
- Markov, G.G.; Danilkin, A.A.; Gerasimov, S.; Nikolov, K.M. (1985): A comparative craniometric analysis of *Capreolus capreolus* L., *Doklady Bi-ological Sciences*, *Proceedings of the Academy of Sciences of the UDSSR*, 282, 451-455
- Marshal, J.P.; Krausmann, P.R.; Bleich, V.C. (2008): Body condition of mule deer in the Sonoran Desert is related to rainfall, *The Southwestern Naturalist* 53, pp. 311-318
- Martin, R.D.; MacLarnon, A.M., (1988): Comparative quantitative studies of growth and reproduction, nach Smith, G.R.; Heam, J.P. (Hrsg): *Repro-*



duction and disease in captive and wild animals, The Zoological Society of London, Oxford: Clarendon Press, 44-69

- Mead, R.A. (1993): Embryonic Diapause in Vertebrates, J. Exp. Zool. 266, 629-641
- Meier, A.H.; Burns, J.T. (1976): Circadian Hormone Rhythms in Lipid Regulation, American Zool. 48 (5): 905-913, nach Hofmann R.R.; Kirsten, N. (Hrsg.): Die Herbstmast-Simulation
- Melchiar, J. (1960): Das Abäsen der Waldvegetation durch Rot- und Rehwild, Zeitschrift f. Jagdwiss., Bd. 6, S. 78ff.
- Mottl, S. (1957): Die Nahrung des Rehwildes, Zeitschrift f. Jagdwiss., Bd. 4, S. 228
- Mottl, S. (1962): Zur Frage der Wilddichte und der Qualität des Rehwildes, Beitrag Jagd- und Wildtierforschung, II, 35-40
- Nei, M. (1973): Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations, Proc. Nat. Acad. Sci. USA, Vol. 70, No. 12, Part I, pp. 3321-3323
- Niethammer, G. (1963): Die Einbürgerung von Säugetieren und Vögeln in Europa. Ergebnisse und Aussichten, Hamburg, Berlin: Paul Parey
- Oliveira, E.J.; Pádua, J.G.; Zucchi, M.I., Vencovsky R.; Vieira, M.L.C. (2006): Origin, evolution and genome distribution of microsatellites; Genetics and Molecular Biology vol. 29 (2), 294-307
- Olt, A.; Ströse, A. (1932): Regelwidrige Geweihe. Neudam; Neumann
- Paetkau, D.; Calvert, W.; Stirling, I.; Strobeck, C. (1995): Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears, Molecular Ecology 4: 347-354
- Peakall, R., Smouse, P.E. (2006): GenAlEx 6: genetic analysis in Excel, Population genetic software for teaching and research, Molecular Ecology Notes 6 (1), 288-295
- Perzanowski, K. (1978): The effect of winter food composition on roe-deer budget, Acta Theriologica, 23, 31: 451-467

- Picton, H. (1979): A climate index and mule deer fawn survival in Montana, *International Journal of Biometeorology* 23, pp. 115-122
- Picton, H. (1984): Climate and the prediction of reproduction of three ungulate species, *Journal of Applied Ecology*, pp. 869-879
- Pielowski, Z.; Bresinski W. (1982): Population characteristics of roe deer inhabiting a small forest, *Acta Theriologica* 27, pp. 409-425
- Pielowski, Z. (1993a): Zur Populationsdynamik eines Rehwildbestandes und zum Einfluss intensiver Hegemaßnahmen auf die Gehörnqualität, *Schriften des AK Wildbiologie an der JLU Gießen*, H. 21, Gießen: Verlag J. Neumann-Neudamm Melsungen
- Pielowski, Z.; Kamieniarz, R. (1993b): Populationsdichte und Qualität des Rehwildes, *Schriften des AK Wildbiologie an der JLU Gießen*, H.21, Gießen: Verlag J. Neumann-Neudamm Melsungen
- Pikula, J.; Koubek, P.; Kratovchill, Z.; Kux, Z. (1985): Age composition of roe deer population in Czechoslovakia, *Acta Scientiarum Naturalium*, Brno 19, pp. 1-46
- Poetsch, M.; Seefeldt, S.; Maschke, M.; Lignitz, E. (2001): Analysis of microsatellite polymorphism in red deer, roe deer and fallow deer – possible employment in forensic applications, *Forensic Sci. Int.* 116 (1): pp. 1-8
- Portmann, J. (1970): Überlegungen zur Entstehung von Korkenziehergehörnen und sogenannten Frostgehörnen, *Zeitschrift f. Jagdwiss.*, Vol. 16, Issue 4, pp. 176-178
- Portmann, J. (1971): Erwiderung zu „Loosersche Umbauzonen und Geweihbildungen“ (Hrsg. Meier, H., 1971), *Zeitschrift f. Jagdwiss.* 17. pp. 95-98
- Post, E.; Stenseth, N.C.; Langvatn, R.; Fromentin, J.M. (1997): Global climate change and phenotypic variation among red deer cohorts, *Proceedings of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences* 264, p. 1317

- Prior, R. (1968): The roe deer of Cranborne Chase, An ecological survey, Oxford University Press, London, 119 pp.
- Putman, R. (1988): The natural history of deer, London: Christopher Helm
- Raesfeld, F.v.; Neuhaus, A.H., Dr. Schaich, K. (2003): Das Rehwild, 9. Auflage, Stuttgart: Franck-Kosmos Verlag
- Rall, H.; Rall, M. (1986): Die Wittelsbacher in Lebensbildern, 376-380, Graz: Styria Verlag
- Rau, A. (1931): Das Rehgehörn. Neudamm; Neumann
- Reimers, E.; Lenvik, D. (1997): Fetal sex ratio in relation to maternal mass and age in reindeer, Canadian Journal of Zoology 75, pp. 648-650
- Rheinfels (1935): Drei Bockleben in Kurven, Dt. Jagd, 38
- Rhumbler, L. (1911): Über die Abhängigkeit des Geweihwachstums der Hirsche, speziell des Edelhirsches vom Verlauf der Blutgefäße im Kolbengewebe, Zeitschrift für Forst- und Jagdwesen 18, pp. 295-314
- Rhumbler, L. (1929): Injektionspräparate der Arterienwirbel an den Wachstumsenden von Hirschkolbengeweihen. Verhandl. d. Deutsch. Zool. Gesell., 33, 67-72
- Rhumbler, L. (1932): Die Verschiedenheiten in der Stirnaffenentwicklung bei Wiederkäuern und ihre Gründe. I. Teil Jen. Zeitsch. f. Naturwiss., Bd. 67, 310-325
- Rieck, W. (1955): Die Setzzeit bei Reh-, Rot- und Damwild in Mitteleuropa, Zeitschrift für Jagdwissenschaften 1, pp. 69-75
- Rolf, H.J.; Schliephake, H.; Wiese, K.G. (2005): Wachstum ohne Tempolimit – Geweihknochenzellen als Modellsystem für die Knochenzüchtung, Universität Göttingen, Georgia Augusta 4, 35-39
- Rörig, A. (1906): Gestaltende Correlationen zwischen abnormer Körperkonstitution der Cerviden und Geweihbildung derselben, Arch. F. Ent.-Mech. Bd. 23
- Royo, L.J.; Pajares, G.; Álvarez, I.; Fernández, I.; Goyache, F. (2006): Genetic variability and differentiation in Spanish roe deer (*Capreolus capreo-*

- lus): A phylogeographic reassessment within the European framework, *Molecular Phylogenetics and Evolution* 42 (2006) 47-61
- Sagesser, H. (1968): Analyse der Setzzeiten (1965-1967) beim Reh im Schweizerischen Mittelland, *Beiträge zur Jagd und Wildforschung* 6, pp. 35-46
  - Sagesser, H.; Kurt, F. (1966): Über die Setzzeit 1965 beim Reh (*Capreolus capreolus*/L.), *Mitteilungen Naturforschender Gesellschaften Bern* 23, pp. 21-38
  - Schlötterer, C.; Tautz, D. (1992): Slippage synthesis of simple sequence DNA, *Nucleic Acids Res.* 20, 211-215
  - Schlötterer, C. (2000). Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. *Chromosoma*, 109, 365–371
  - Schlötterer, C. (2004): Opinion: The evolution of molecular markers – just a matter of fashion?, *Nature Rev. Genet.* 5, 63-69
  - Schultz, S.R.; Johnson, M.K. (1995): Effects of birth date and body mass at birth on adult body mass of male white-tailed deer, *Journal of Mammalogy* 76, pp. 575-579
  - Schumacher, S. (1936): Das Stirnorgan des Rehbockes (*Capreolus capreolus*), ein bisher unbekanntes Duftorgan, *Zeitschrift für mikroskopisch-anatomische Forschung* 99, pp. 215-230
  - Seal, U.S.; Nelson, M.E.; Mech, L.D.; Hoskinson, R.L. (1978): Metabolic indicators of habitat differences in four Minnesota deer populations, *J. Wildlife Manage* 42, pp. 746-754
  - Selkoe, K.A.; Toonen, R.J. (2006): Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers, *Ecology Letters* 9: 615-629
  - Sempéré, A.J.; Garreau, J.J.; Boissin, J. (1980): Variations saisonnières de l'activité de marquage territorial et de la testostéronémie chez le chevreuil mâle adulte (*Capreolus capreolus*), *Comptes Rendus de l'Académie des Sciences, Paris*, 290, série D, pp. 803-806

- Sempéré, A.J.; Lacroix, A. (1982): Temporal and seasonal relationship between LH, testosterone and antlers in fawn and adult male roe deer (*Capreolus capreolus*), a longitudinal study from birth to four years of age, *Acta Endocrinologica* 99, pp. 295-301
- Sempéré, A.J., Boissin, J.; Dutourné, B.; Lacroix, A.; Blanc, M.R. (1983a): Variations de la concentration en prolactine plasmatique, LH et FSH et de l'activité testiculaire au cours de la première année de vie chez le chevreuil (*Capreolus capreolus*), *General and Comparative Endocrinology* 52, pp. 247-254
- Sempéré, A.J.; Boissin, J. (1983b): Neuroendocrine and endocrine control of testicular activity and the antler cycle from birth to adulthood in the male roe deer (*Capreolus capreolus*), *Antler Development in Cervidae* (ed. R.D. Brown), pp. 396-415, Kingsville, Texas: Caesar Kleberg Wildlife Research Institute)
- Sempéré, A.J.; Renaud, G.; Bariteau, F. (1989): Embryonic development measured by ultrasonography and plasma progesterone concentrations in roe deer (*Capreolus capreolus* L.), *Animal Reproduction Science* 20, pp. 155-164
- Sempéré, A.J.; Mauget, R.; Bubenik, G.A. (1992a): Influence of Fotoperiod on the seasonal pattern of LH and testosterone secretion and on the antler cycle in roe deer, *Reproduction and Fertility* 95, pp. 630-700
- Sempéré, A.J.; Mauget, R.; Chemineau, P. (1992b): Experimental induction of luteal cyclicity in roe deer, *Journal of Reproduction and Fertility* 96, pp. 379-384
- Sempéré, A.J.; Mauget, R.; Mauget, C. (1998): Reproductive physiology of roe deer, nach Andersen, R.; Duncan, P.; Linnell, J.D.C. (Hrsg): *The European roe deer: the biology of success*, Scandinavian University Press
- Sempéré, A.J.; Sokolov, V.E.; Danilkin, A.A. (1996): *Capreolus capreolus*, *Mammalian Species* 538, pp. 1-9

- Shi, Z.D.; Barrell, G.K. (1994): Thyroid hormones are required for the expression of seasonal changes in red deer (*Cervus elaphus*) stags, *Reprod. Fert. Develop.* 6, pp. 187-192
- Short, R.V.; Mann, T. (1966): The sexual cycle of a seasonally breeding animal, the roebuck (*Capreolus capreolus*), *Journal of Reproduction and Fertility* 12, pp. 337-351
- Slatkin, M. (2008): Linkage disequilibrium – understanding the evolutionary past and mapping the medical future, *Nat. Rev. Genet.* (6), pp. 477-485, doi: 10.1038/nrg2361
- Stieve, H. (1950): Anatomisch-biologische Untersuchungen über die Fortpflanzungstätigkeit des europäischen Rehes, *Zeitschrift für mikroskopisch-anatomische Forschung* 55, pp. 427-530
- Strand, M.; Prolla, T.A.; Liskay, R.M., Petes, T.D. (1993): Destabilization of tracts of simple repetitive DNA in yeast by mutations affecting DNA mismatch repair, *Nature* 365, 274-276
- Strandgaard, H. (1972): The roe deer (*Capreolus capreolus*) population at Kalø and the factors regulating its size, *Danish review of game biology* 7, pp. 1-205
- Stubbe, C. (1966): Körperwachstum und Körpergröße des europäischen Rehwildes (*Capreolus capreolus* L.), *Der Zoologische Garten*, 28, 20, 85-105
- Stubbe, C. (1990): *Rehwild*, Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin, 432 pp.
- Stubbe, C. (2008): *Rehwild*, 5. Auflage, Stuttgart: Kosmos Verlag
- Stubbe, C.; Passarge, H. (1979): *Rehwild*, Deutscher Landwirtschaftsverlag, Berlin, 432 pp.
- Suttie, J.; Lincoln, G.; Kay, R. (1984): Endocrine control of antler growth in red deer stags, *J. Reprod. Fertil.* 71, pp. 7-15

- Taberlet P.; Luikart, G. (1999a): Non-invasive genetic sampling and individual identification, *Biological Journal of the Linnean Society* 68 (1-2), 41-55
- Taberlet, P., Waits, L.P.; Luikart, G. (1999b): Non-invasive genetic sampling: look before you leap, *Trends Ecol. Evol.*, 14, 323–327
- Tachezy, R. (1956): Über den Einfluß der Sexualhormone auf das Ge-  
weihwachstum der Cerviden, *Säugetierkundl. Mitt.* 4, 103-112
- Tautz, D. (1989): Hypervariability of simple sequences as a general source  
for polymorphic DNA markers, *Nucleic Acids Research* 17: 6463-6471
- Tóth, G.; Gáspári, Z., Jurka, J. (2000): Microsatellites in Different Eukary-  
otic Genomes: Survey and Analysis, *Genome Research* 10: 967-981
- Turner, D.C.; Geiger, C.; Blankenhorn, H. (1987): Factors to consider in  
future roe deer management in Switzerland, pp. 551-558, in *Biology and  
management of the Cervidae* (Hrsg. Wemmer, C.M.), Smithsonian Institu-  
tion Press, Washington D.C., 577 pp.
- Valdes, A.M.; Slatkin, M.; Freimer, N.B. (1992): Allele Frequencies at Mi-  
crosatellite Loci: The Stepwise Mutation Model Revisited, *Genetics* 133:  
737-749
- Vanpe, C.; Gaillard, J.M.; Kjellander P.; Mysterud, A.; Magnien, P. et al.  
(2007): Antler size provides an honest signal of male phenotypic quality in  
roe deer, *American Naturalist*, pp. 481-493
- Verhulst S.; Dieleman, S.J.; Parmentier, H.K. (1999): A trade-off between  
immunocompetence and sexual ornamentation in domestic fowl, *Proc.  
Acad. Sci. USA* 96, pp. 4478-4481, doi:10.1073/pnas.96.8.4478
- Verme, L.J. (1968): An index of winter weather severity for northern deer,  
*The Journal of Wildlife Management*, pp. 566-574
- Vogt, F. (1938): Das Rehwild im Gatter Schneeberg, *Deutsche Jagd* 9, 209-  
212
- Vogt, F. (1947): *Das Rotwild*. Wien: Österr. Jagd u. Fischereiverlag

- Volmer, K.; Herzog, A. (1995): Rehwild näher betrachtet –Untersuchungen an Rehwild-, Schriften des AK Wildbiologie an der JLU Gießen, H.22, Gießen: Verlag J. Neumann-Neudamm Melsungen
- Voormann (1939): Über die Gehörnentwicklung bei gekennzeichneten Böcken, Dt. Jagd, Neudamm, 25
- Wahlund, S. (1928): Zusammensetzung von Populationen und Korrelationserscheinungen vom Standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet, Staatsinstitut für Rassenbiologie, Uppsala
- Wandeler, A.I. (1975): Die Fortpflanzungsleistung des Rehs (*Capreolus capreolus* L.) im Berner Mittelland, Jahrbuch Naturhistorisches Museum, Bern, 5, pp. 245-301
- Wang, M.; Schreiber, A. (2001): The impact of habitat fragmentation and social structure on the population genetics of roe deer (*Capreolus capreolus* L.) in Central Europe, Heredity 86, pp. 703-715
- Weber, J.L. (1990): Informativeness of human (dC-dA)<sub>n</sub>-(dG-dT)<sub>n</sub> polymorphisms, Genomics 7: 524-530
- Weber, J.L.; Wong, C. (1993): Mutation of human short tandem repeats, Human Molecular Genetics 2: 1123-1128
- Weissenbach, J.; Gyapay, G.; Dib, C.; Vignal, A.; Morissette, J.; Millasseau, P.; Vaysseix, G.; Lathrop, M. (1992): A second-generation linkage map of the human genome, Nature 359: 794-801
- Welte, J. (2014): Untersuchungen zur genetischen Diversität beim Rotwild (*Cervus elaphus*, L.) mit Hilfe von Knochen-DNA-Analysen, Gießen: Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades beim Fachbereich Veterinärmedizin der Justus-Liebig-Universität
- Willems, H.; Welte, J.; Hecht, W.; Reiner G. (2016): Temporal variation of the genetic diversity of a German red deer population between 1960 and 2012, Justus-Liebig-University, Gießen



- Wislocki, G. B.; Singer, M. (1946): The occurrence and function of nerves in the growing antlers of deer. *The Journal of comp. Neurology*, 1946, 85, 1, 1-19. zitiert nach Bubenik, 1966
- Wright, S. (1951): The genetical structure of populations, *Annals of Eugenics* 15: 323-354
- Wright, S. (1978): *Evolution and genetics of populations: a treatise in 4 volumes*, Chicago, London
- [www.haus-bayern.com/bgd/bgdrehe.htm](http://www.haus-bayern.com/bgd/bgdrehe.htm)
- Young, R.A. (1976): Fat, Energy and Mammalian Survival, *Amer. Zool.* 16: 699-710, nach Hofmann R.R.; Kirsten, N. (Hrsg.): *Die Herbstmast-Simulation*
- Zachos, F.E.; Hartl, G.B.; Apollonio, M.; Reutershan, T. (2003): On the phylogeographic origin of the Corsican red deer (*Cervus elaphus corsicanus*): evidence from microsatellites and mitochondrial DNA, *Mammalian Biology* 68: 284-298
- Zachos, F.E. (2005): *Genetische und morphologische Untersuchungen zur Entwicklungshomöostase bei Säugetieren am Beispiel des Europäischen Rehs (Capreolus capreolus)*, Dissertation, Kiel
- Zachos, F.E.; Otto, M.; Hmwe, S.S.; Hartl, G.B. (2007): Populationsgenetische Untersuchungen zur Differenzierung des schleswig-holsteinischen Rehwildes (*Capreolus capreolus* Linnaeus, 1758; Artiodactyla: Cervidae), *Bonner zoologische Beiträge*, Band 55 (2006), Heft 2, Seiten 89-94
- Ziegler, L. (1843): *Beobachtungen über die Brunst und den Embryo der Rehe*, Hellweg'sche Hofbuchhandlung, Hannover

## Anhang

### Anleitung 1: Arbeitsanweisung zum Gießen eines 6%-igen PAGE-Gels

Vorbereiten der Platten:

- Die hintere Platte (Platte ohne Aussparung) auf eine glatte Unterlage legen
- An den linken und rechten Rand der Platte Abstandshalter (Spacer, 0,25 mm) anlegen
- Frontplatte bündig auf die hintere Platte legen, so dass die Abstandshalter nicht überstehen
- links und rechts die Klammern anlegen und mit dem unteren Rand bündig ausrichten
- Klammern handfest anziehen
- Platten mit der oberen Kante auf eine Schaumstoffunterlage leicht erhöht lagern

Ansetzen des Polyacrylamidgels:

- 250 ml- Becherglas auf die Waage stellen und tarieren
- 8,4 g Harnstoff; 2,4 ml Long Ranger und 2,4 ml 10 x TBE-Puffer in das Becherglas einwiegen und mit aq. bidest. auf 22,5 g auffüllen
- Harnstoff durch leichtes Schwenken des Becherglases in Lösung bringen
- Kurz vor dem Gießen 135 µl 10%-iges APS und 13,5 µl TEMED zugeben und leicht schwenken

Gießen des Gels:

- Gellösung langsam am erhöhten oberen Rand zwischen die Platten füllen
- Eingeschlossene Luftblasen durch Klopfen auf die entsprechende Stelle auflösen

- Das Befüllen beenden, sobald das Gel bündig den unteren Plattenrand erreicht hat
- Schaumstoffunterlage entfernen und Platten flach hinlegen
- Eingeschlossene Luftblasen mit einem Drahthaken vorsichtig herausziehen
- Haifischkamm mit der flachen Seite blasenfrei in die Plattenaussparung einsetzen
- wenn nötig am Kamm gelfreie Stellen mit Gel auffüllen
- Platzhalter in die Aussparung der Klammern einsetzen und Schrauben handfest anziehen
- Einmaltücher mit aq. dest. befeuchten und damit die Kanten der Platten bedecken
- die Polymerisation des Gels dauert ca. 1,5 bis 2 h (Reste im Becherglas dienen als Indikator)
- nach der Polymerisation die feuchten Tücher und den Platzhalter entfernen
- den Kamm vorsichtig entfernen, sodass die Gelkante nicht beschädigt wird
- Gel- und Harnstoffreste vorsichtig mit einem feuchten Tuch entfernen
- den Haifischkamm reinigen und vorsichtig schräg zwischen die Platten schieben. Dabei evtl. auf die Zähne des Kammes drücken, damit diese nicht abknicken
- die Zähne des Haifischkammes sollen ca. 0,5 cm in das Gel ragen
- Oberflächen der Platten, wenn nötig, säubern

Einhängen der Platten:

- oberen Puffertank in der Klammereinsparung montieren, Schrauben handfest anziehen
- den mit 1 x TBE-Puffer befüllten (Markierung beachten) unteren Puffertank an das Licorgerät anschließen

- Platten mit den Klammern in die Vorrichtung einhängen
- den oberen Puffertank mit 1 x TBE-Puffer befüllen und an das Licorgerät anschließen

## **Danksagung**

An dieser Stelle möchte ich den vielen Menschen danken, die mir das Schreiben der Dissertation ermöglicht und mich all die Jahre begleitet haben.

Die Herren Professor Dr. Dr. Gerald Reiner und Dr. Klaus Volmer, sowie das königliche Schloss Berchtesgaden, vertreten durch Herrn Guido Burkhardt machten dieses Thema überhaupt erst möglich. Ich danke ihnen für das in mich gesetzte Vertrauen, die Geduld und die vielen Ratschläge und Informationen. Außerdem danke ich Herrn Professor Dr. Dr. Gerald Reiner und seiner Ehefrau Christine Reiner für die tatkräftige Unterstützung bei der Probenentnahme in der Rehsammlung.

Ganz herzlich möchte ich Herrn Professor PD Dr. Hermann Willems für seine engelsgleiche Geduld, das Lektorat, die vielen Tipps und Anregungen und auch für den ein oder anderen Zuspruch, als ich völlig verzweifelte danken.

Ein weiterer Dank geht an das Laborteam, bestehend aus Bettina Hopf, Ute Stoll und Sylvia Willems. Ich wurde herzlich aufgenommen und konnte mich stets bei Problemen an sie wenden. Die Zeit im Labor verging so im Flug und bleibt mir in angenehmer Erinnerung.

Schließlich möchte ich auch meiner Familie und meinen Freunden danken, die stets an mich glaubten und mich immer wieder antrieben, weiter zu machen. Besonders danken möchte ich hierbei auch meinen Freunden Kay Schmitt und Fabian Rau, die mich bei der Arbeit aktiv unterstützten, indem sie mich mit Literatur versorgten und Teile der Arbeit korrigierten. Und schlussendlich danke ich meiner lieben Mutter. Ohne ihre mein ganzes Leben anhaltende Unterstützung und Förderung würde ich nicht hier sitzen und diese Zeilen schreiben.

## **Erklärung**

Ich erkläre: Ich habe die vorgelegte Dissertation selbständig und ohne unerlaubte fremde Hilfe und nur mit den Hilfen angefertigt, die ich in der Dissertation angegeben habe. Alle Textstellen, die wörtlich oder sinngemäß aus veröffentlichten oder nicht veröffentlichten Schriften entnommen sind, und alle Angaben, die auf mündlichen Auskünften beruhen, sind als solche kenntlich gemacht. Bei den von mir durchgeführten und in der Dissertation erwähnten Untersuchungen habe ich die Grundsätze guter wissenschaftlicher Praxis, wie sie in der "Satzung der Justus-Liebig-Universität Gießen zur Sicherung guter wissenschaftlicher Praxis" niedergelegt sind, eingehalten.



*édition scientifique*  
**VVB LAUFERSWEILER VERLAG**

VVB LAUFERSWEILER VERLAG  
STAUFENBERGRING 15  
D-35396 GIESSEN

Tel: 0641-5599888 Fax: -5599890  
redaktion@doktorverlag.de  
www.doktorverlag.de

ISBN: 978-3-8359-6668-0



9 783835 196680

Photo frontcover : © Jakub Krechowicz @ fotolia.de  
Photo backcover: © stefan @ fotolia.de